

Abschlussbericht

zum Forschungsprojekt 100250
BMLFUW-LE.1.3.2/0043-II/1/2007

Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale

Laufzeit: 11/2007 – 10/2010

Auftragnehmer: Zentrale Arbeitsgemeinschaft
österreichischer Rinderzüchter (ZAR)
Dresdnerstraße 89/19, 1200 Wien

Subauftragnehmer: Institut für Nutztierwissenschaften
Universität für Bodenkultur Wien
Gregor Mendel Str. 33, 1180 Wien

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdnerstraße 89/19, 1200 Wien

Leitung Gesamtprojekt: Dr. Christa Egger-Danner, ZuchtData
Wissenschaftlicher Projektleiter: Dr. Birgit Fürst-Wattl, BOKU

Projektmitarbeiter: PD Dr. Roswitha Baumung, BOKU
Dr. Christa Egger-Danner, ZuchtData
Dr. Christian Fürst, ZuchtData
DI Astrid Köck, BOKU
Dr. Walter Obritzhauser, ÖTK
Dr. Hermann Schwarzenbacher, ZuchtData
Prof. Dr. Johann Sölkner, BOKU
Ass. Prof. Dr. Alfons Willam, BOKU
Prof. Dr. Petra Winter, VUW

Projektpartner:

- ARGE Wiederkäuer der Österreichischen Tiergesundheitsdienste
- Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft
- Bundesministerium für Gesundheit, Familie und Jugend
- Landwirtschaftskammer Österreich
- Österreichische Tierärztekammer
- Universität für Bodenkultur Wien – Institut für Nutztierwissenschaften
- Veterinärmedizinische Universität Wien – Klinik für Wiederkäuer
- ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH

Danksagung

Vielen herzlichen Dank

- dem Bundesministerium für Land-, Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft und der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR) für die finanzielle Unterstützung.
- den Projektpartnern für die wertvolle Unterstützung und gute Zusammenarbeit.
- den teilnehmenden Bauern und Tierärzten.



Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	6
2	Hintergrund	7
2.1	In Skandinavien erfolgreich.....	7
2.2	Gesetzliche Grundlage	7
3	Projektgeschichte	9
4	Projektorganisation	10
5	Projektziele	11
5.1	Datenerfassungssystem für Diagnosedaten	11
5.2	Gesundheitsberichte für Landwirte und Tierärzte	30
5.3	Kennzahlen Tiergesundheit	31
5.4	Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale.....	31
6	Datenvalidierung	32
7	Häufigkeiten der Erkrankungen	37
8	Genetische Parameter beim Fleckvieh	44
8.1	Genetische Analyse von Durchfall und Atemwegserkrankungen bei Kälbern.....	44
8.2	Phänotypische und genetische Beziehungen zwischen Mastitis und Euter- Exterieurmerkmalen.....	49
8.3	Genetische Analyse von Fruchtbarkeitsstörungen und deren Beziehung zu Fruchtbarkeit und Milchleistung	54
8.4	Genetische Analyse von Mastitis und deren Beziehung zu verschiedenen Zellzahl-Parametern.....	66
9	Genetische Parameter beim Braunvieh	77
10	Methodenvergleich	80
10.1	Vergleich von verschiedenen Modellen für die genet. Analyse von Mastitis ...	80
10.2	Genetische Analyse von Ovulationsstörungen: Ein Vergleich zwischen linearen Modellen und Lebensdaueranalyse	90
11	Routinezuchtwertschätzung	104
11.1	Daten	104
11.2	Modell	106
11.3	Genetische Parameter	107
11.4	Veröffentlichung	107
11.5	Änderungen im Vergleich zu den internen ZWS-Läufen	110

11.6	Fazit	111
12	Wirtschaftliche Gewichte	113
12.1	Frühe Fruchtbarkeitsstörungen	113
12.2	Zysten	114
12.3	Milchfieber	115
12.4	Literatur.....	116
13	Zuchtplanungsrechnungen.....	117
13.1	Einleitung	117
13.2	Datenmaterial	117
13.3	Methode und Parameter	117
13.4	Populationsparameter, biologisch-technische Parameter, Informationen für die Zuchtwertschätzung, Kosten.....	121
13.5	Ergebnisse und Diskussion.....	124
13.6	Zusammenfassung und weitere Vorgangsweise	129
13.7	Literatur.....	130
14	Teilnahme an Tagungen, Kursen, Sitzungen (BOKU und ZuchtData)....	132
15	Publikationen und Vorträge	135
16	Kurzfassung	145
17	Summary	146
Anlagen	147

1 Einleitung

In der Rinderzucht hat sich nach der sehr erfolgreichen Verbesserung der Milchleistung ein Wandel vollzogen. Die züchterische Bearbeitung von Fitness- und Gesundheitsmerkmalen gewinnt immer mehr an Bedeutung.

Weltweit werden Gesundheitsdaten mit Ausnahme der skandinavischen Länder kaum direkt erfasst. In Norwegen werden Gesundheitsdaten seit 1975, in Finnland seit 1982, in Schweden seit 1984 und in Dänemark seit 1990 aufgezeichnet und für die Zuchtwertschätzung genutzt. In Österreich wurde das Projekt „Gesundheitsmonitoring Rind“ Mitte 2006 in Zusammenarbeit von Rinderzucht, Leistungsprüfung, Veterinärmedizin, Wissenschaft, Interessensvertretung und der Unterstützung durch die Ministerien BMLFUW und BMGF gestartet. Im Rahmen dieses Projektes werden Erstdiagnosen mit Hilfe von Arzneimittelbelegen erhoben und für Herdenmanagement und Zucht genutzt. Im Rahmen des Projektes wurden folgende Hauptaufgaben durchgeführt:

- Umfangreiche Datenanalysen/Datenqualität
- Berechnung von Inzidenzen
- Definition von Gesundheitsmerkmalen (Zeitraum, Einzelmerkmale vs. Zusammengefasste Merkmale)
- Analyse der Umwelteffekte
- Schätzung genetischer Parameter für Gesundheitsmerkmale und Korrelationen zu anderen Merkmalen im Gesamtzuchtwert
- Methodenvergleich (linear, threshold, survival)
- Ableitung wirtschaftlicher Gewichte
- Zuchtplanungsrechnungen

2 Hintergrund

2.1 In Skandinavien erfolgreich

In den skandinavischen Ländern ist die Erfassung von Tiergesundheitsdaten und deren Berücksichtigung in der Zucht und im Herdenmanagement seit Jahren Routine. In Norwegen (Abbildung 1) konnte dadurch das Risiko einer Kuh an klinischer Mastitis zu erkranken deutlich vermindert werden. Das durchschnittliche Risiko einer Kuh an Mastitis zu erkranken lag 1994 noch bei 40%, innerhalb der letzten 10 Jahre konnte das Mastitisrisiko um beinahe 20 % reduziert werden.

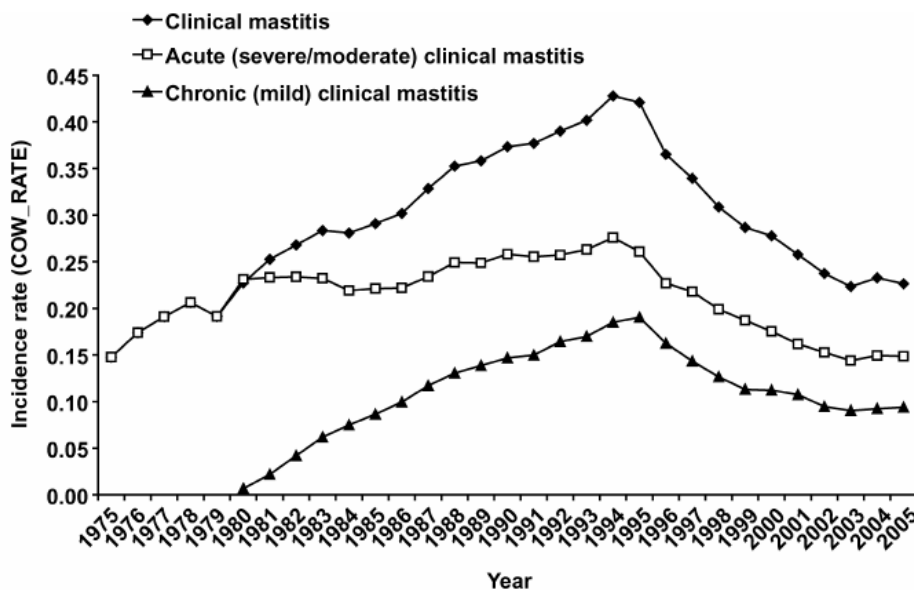


Abbildung 1: Risiko einer Kuh an klinischer Mastitis zu erkranken von 1975 bis 2005 (Norwegian Cattle Health Services, 2005)

2.2 Gesetzliche Grundlage

Laut Tierarzneimittelkontrollgesetz sind Diagnosen am Arzneimittelabgabe und Arzneimittelanwendungsbeleg zu dokumentieren. Diese wurden vor dem Start des Projektes „Gesundheitsmonitoring Rind“ in der Regel weder zentral elektronisch erfasst noch für Zucht und in größerem Ausmaß für das Management genutzt. Im

Projekt werden diese Diagnosen mit einem österreichweiten Diagnoseschlüssel standardisiert und im RDV (Rinderdatenverbund) erfasst.

Tierarzneimittelkontrollgesetz 2002/Änderungen 2005:

§ 4 a (1) „Der Tierarzt hat über das Datum der Untersuchung der Tiere, Name und Anschrift der Tierhalter, die Angaben zur Identität und Anzahl der behandelten Tiere, die Diagnose, die verschriebenen Arzneimittel, Anwendungsart, die verabreichte Dosis, die Behandlungsdauer und die einzuhaltenden Wartezeiten in geeigneter Weise Buch zu führen. ...

§ 4 a (2)... Außerdem hat der Tierarzt für alle an den Tierhalter abgegebenen Arzneimittel einen Abgabebeschein auszustellen“

Rückstandskontrollverordnung (VO nach LMSVG) 2006:

Die Rückstandskontrollverordnung legt fest, dass die Art der verordneten und durchgeführten Behandlungen im Bestandesregister (Stallbuch) einzutragen ist. (§ 12 Abs. 2)

Tiergesundheitsdienstverordnung (VO nach TAKG) 2006/Änderungen 2009:

In den Amtlichen Veterinärnachrichten wurde seitens des Bundesministeriums für Gesundheit vor Projektbeginn im April 2006 für im Tiergesundheitsdienst (TGD) beteiligte Tierärzte und Tierhalter festgelegt, dass die Dokumentation der Arzneimittel-Anwendung basierend auf dem veröffentlichten Diagnoseschlüssel mit Diagnosecode zu erfolgen hat (GZ: 74200/12-IV/B/8/06).

3 Projektgeschichte

Die Rinderzucht AUSTRIA (ZAR) hat 2005 die Idee aus Oberösterreich aufgegriffen und gemeinsam mit den Projektpartnern aus Landwirtschaft und Tierärzteschaft das österreichweite Projekt „Gesundheitsmonitoring Rind“ initiiert. Der Projektstart erfolgte in den ersten Bundesländern Mitte 2006. Einige folgten etwas später. Das Projekt befindet sich derzeit in der Umsetzung in die Routine. Folgende wichtige Meilensteine wurden 2010 erreicht:

Meilensteine:

- Bayern und Baden-Württemberg folgen österreichischem Beispiel und haben mit dem Aufbau ähnlicher Systeme begonnen
- TGD-Programm Gesundheitsmonitoring beschlossen – TGD-Betriebserhebung vorausgefüllt steht bereit
- Gesundheitszuchtwerte ab Dezember 2010 offizielle ZW im Rahmen der deutsch/österreichischen Zuchtwertschätzung
- Die Vollversammlungen der AGÖF und der ARGE Braunvieh haben die Aufnahme von Gesundheitsmerkmalen in die Zuchtprogramme „Fleckvieh AUSTRIA“ und „Braunvieh AUSTRIA“ beschlossen (Grauvieh bereits 2007 beschlossen)

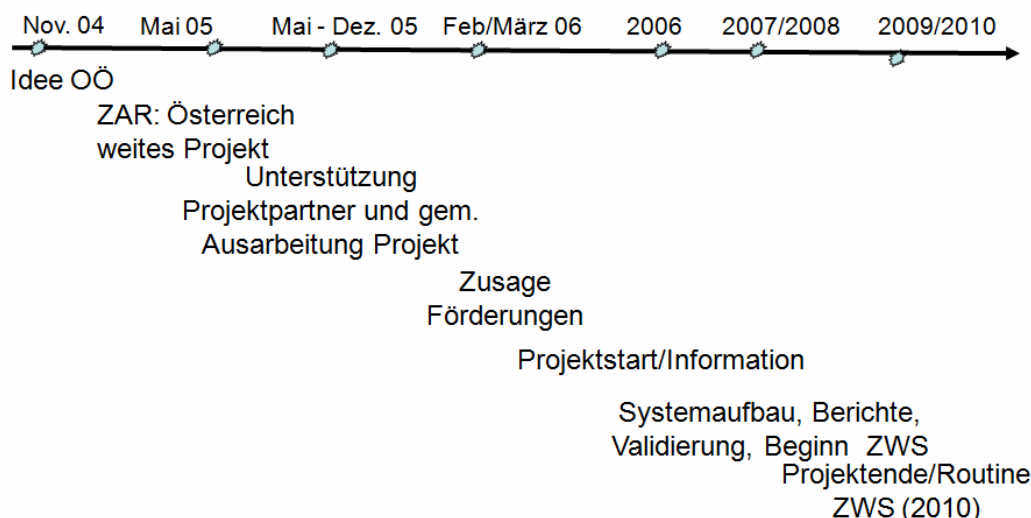


Abbildung 1: Projektgeschichte

4 Projektorganisation

Projektträger:

Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR) mit den Mitgliedern aus Rinderzucht, Leistungsprüfung und Besamung.

Projektpartner:

- ARGE Wiederkäuer der Österreichischen Tiergesundheitsdienste
- Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft
- Bundesministerium für Gesundheit, Familie und Jugend
Landwirtschaftskammer Österreich
- Österreichische Tierärztekammer
- Universität für Bodenkultur Wien – Institut für Nutztierwissenschaften
- Veterinärmedizinische Universität Wien – Klinik für Wiederkäuer
- ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH

Projektmanagement: Das Projekt wurde von einem Komitee mit Vertretern der verschiedenen Projektpartner begleitet.

Nachdem das Projekt jetzt in der Routine in ein Programm übergeführt wird, hat der ZAR-Vorstand am 17.11.2010 beschlossen, dass innerhalb der ZAR eine Plattform Tiergesundheit eingerichtet wird, die Weiterentwicklungen forcieren und begleiten wird.

5 Projektziele

Projektziele:

- Aufbau Datenerfassung für Diagnosedaten
- Bereitstellung von aufbereiteten Informationen für Landwirt und Tierarzt für Herdenmanagement, Bestandesbetreuung und TGD-Betriebserhebung
- Kennzahlen – Übersichtsauswertungen für TGD/Ministerien zur Einschätzung der Situation in Österreich
- Entwicklung einer **Zuchtwertschätzung** für Gesundheitsmerkmale

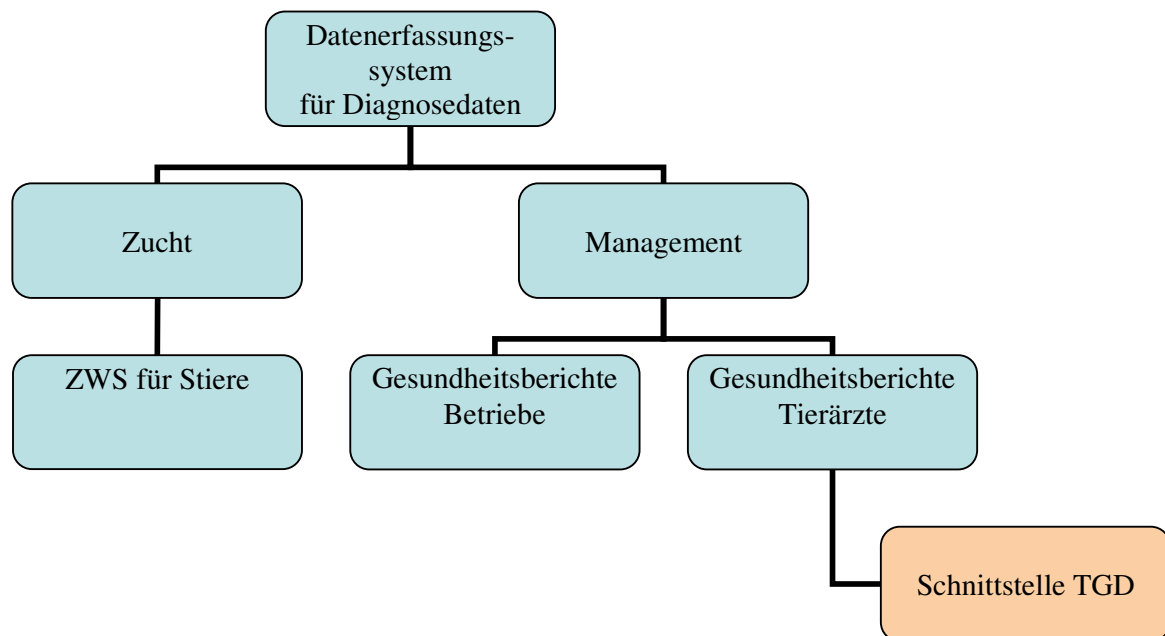


Abbildung 1: Darstellung der Projektziele und Projektbereiche

5.1 Datenerfassungssystem für Diagnosedaten

5.1.1 Beschreibung des Systems

Um die Diagnosedaten von Arzneimittelbelegen nutzen zu können, ist die Angabe der Diagnose mit einem 2-stelligen Zifferncode auf dem Arzneimittelbeleg durch den Tierarzt notwendig. Hierzu wurde der offizielle Arzneimittelbeleg angepasst und ein

österreichweit gültiger Diagnoseschlüssel zur Standardisierung der Diagnosen ausgearbeitet (siehe Punkt 2.2 Gesetzliche Grundlagen). Mit der Zustimmung des Landwirtes werden die Tieridentität, die Betriebs-Nummer (LFBIS), die Tierarzt Nummer, das Diagnosedatum und die Diagnose von Erstbehandlungen in der Datenbank des Rinderdatenverbands (RDV) erfasst. Die Erhebung kann im Zuge der Milchleistungsprüfung vom Mitarbeiter des Landeskontrollverbandes erfolgen oder direkt vom Tierarzt elektronisch übermittelt werden.

Durch die Zustimmungserklärung und das Datenschutzgesetz ist geregelt, dass keine personen- und betriebsbezogenen Daten an Dritte weitergegeben werden können.

Zusätzlich kann der Landwirt im RDV4M (Internet für Landwirte) auch weitere gesundheitsrelevante Beobachtungen und Aktionen selbst erfassen.

Diagnoseschlüssel

Spezifische Kälberkrankheiten

- 11 Nabelentzündung
- 12 Nabelbruch
- 13 Sehnenkontraktur
- 14 Missbildungen
- 15 Ikterus haemolyticus neonatorum
- 16 Kälberdurchfall
- 17 andere Krankheiten des Kalbes

Erkrankungen des Verdauungstraktes

- 21 Durchfall
- 22 Tympanie
- 23 Pansenübersäuerung
- 24 Fremdkörpererkrankung
- 25 Labmagenverlagerung
- 26 Darmverschluss
- 27 andere Erkrankungen der Bauchhöhle
- 28 Erkrankungen der Maulhöhle
- 29 Erkrankungen der Speiseröhre

Stoffwechselkrankheiten

- 31 Gebärparese, Hypocalcämie
- 32 Tetanie
- 33 Azetonämie
- 34 andere Stoffwechselkrankheiten
- 35 Vergiftungen

Fruchtbarkeits-u. Abkalbest.

- 41 Gebärmutterentzündung
- 42 Stillbrunst, Azyklie
- 43 Ovarialzysten
- 44 Scheidenvorfall
- 45 Abortus und andere Störungen der Gravidität
- 46 Schweregeburten
- 47 Geburtsverletzungen
- 48 Nachgeburtshaltung
- 49 puerperale Erkrankungen

Eutererkrankungen

- 51 akute Euterentzündung
- 52 chronische Euterentzündung
- 53 Erkrankungen der Euter- und Zitzenhaut
- 54 Euterödem
- 55 Andere Eutererkrankungen
- 56 Prophylaktisches Trockenstellen

Klauen- und Gliedmaßenkrank.

- 61 Panaritium, Mortellaro
- 62 Klauengeschwür, Krankheiten der Gelenke an den Klauen
- 63 Klauenrehe
- 64 Frakturen, Luxationen, andere Gliedmaßenverletzungen
- 65 Krankheiten von Muskeln und Sehnen
- 66 spastische Parese, Paralyse
- 67 Peritarsitis

- 68 Festliegen infolge Erkrankung des Bewegungsapparates
- 69 Krankheiten des Schwanzes

Erkrankungen der Atemwege

- 71 Erkrankungen der oberen Luftwege
- 72 Lungenentzündung
- 73 andere Lungenerkrankungen

Herz-, Kreislauf- und Bluterkrank., Erkrankungen des Hartraktes

- 81 Herzerkrankungen
- 82 Septikämie, Anämie
- 83 Piroplasmose und andere Parasitosen des Blutes
- 84 Leukose
- 85 Erkrankungen der Gefäße und der Milz
- 86 Pyelonephritis
- 87 Erkrankungen der Harnblase

ZNS-Erkrankungen, Hauterkrankungen, Infektionen

- 91 ZNS-Erkrankungen
- 92 Erkrankungen der Sinnesorgane
- 93 Parasitosen und Infektionen der Haut
- 94 Erkrankung der Hörer
- 95 andere Hauterkrankungen
- 96 Allgemeininfektionen

Sonstige Erkrankungen

- 01 Abmagerung, Kachexie
- 02 verminderte Fresslust, Inappetenz
- 03 Fieber, fieberhafte Allgemeinerkrank.
- 00 ohne Diagnose

Abbildung 2: Diagnoseschlüssel

Arzneimittelanwendungs-, Arzneimittelabgabe- ur

Betrieb: (Name und Anschrift)		Legende: B=Behandlt NB=Nachbe A=Abgabe \n R=Rücknah Tierarten: (T) Rd = Rind Schf = Schaf Gfl = Geflüge	
LFBISNr.: <input type="text"/>			
TA	Identität der/s Tiere/s OhrmarkenNr BoxenNr.	Diagnose- schlussel (2-stellig)*	Menge
B O			
A O			
R O		NB O	

Abbildung 3: Auszug aus dem neuen Arzneimittelanwendungs-, Arzneimittelabgabe-, und Arzneimittelrückgabebeleg für die Angabe der Diagnose mit einem 2-stelligen Diagnosecode

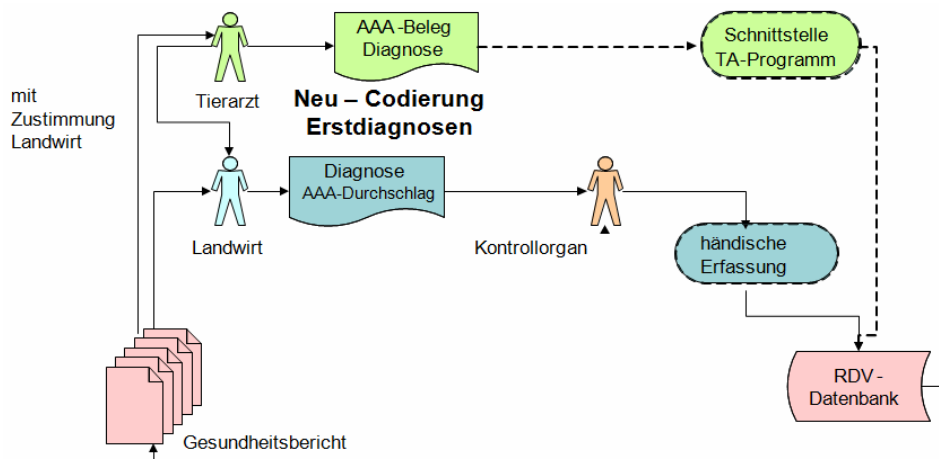


Abbildung 4: Ablauf der Datenerfassung und Rückmeldung (Gesundheitsberichte)

5.1.2 Aktueller Stand der Umsetzung –Teilnahme und Diagnosedatenerfassung

Mit Ende Februar 2010 nehmen österreichweit ca. 13.100 Betriebe am Gesundheitsmonitoring teil, wobei es große regionale Unterschiede gibt (siehe Tabelle 1). Beim Anteil der Betriebe mit Diagnosen ist eine kontinuierliche Zunahme zu beobachten. Bezüglich Teilnahme ist zu erkennen, dass in einigen Bundesländern im letzten Jahr durch konsequente Motivation von Seiten aller Beteiligten eine

deutliche Steigerung erreicht werden konnte. Ohne aktive Bewerbung ist keine Zunahme zu erreichen.

Tabelle 1: Entwicklung der Teilnahme und Diagnosedatenerfassung nach Bundesländern von Februar 2007 bis Februar 2010

Bundesländer	Betriebe	GMON Betriebe %				GMONBetriebe mit Diag %			
	Feb.10	Feb.10	Feb.09	Feb.08	Feb.07	Feb.10	Feb.09	Feb.08	Feb.07
Burgenland	136	23	17	13	12	55	54	36	21
Kärnten	1.288	76	76	73	71	64	53	42	14
Niederösterreich	3.925	78	77	77	76	90	80	64	21
Oberösterreich	4.864	55	51	33	28	58	49	49	24
Salzburg	2.194	44	44	42	41	65	59	42	11
Steiermark	3.383	79	66	63	61	85	82	66	37
Tirol	6.009	36	23	20	7	20	13	3	0
Vorarlberg	1.479	1	1	0	0	58	50	0	0
Austria	23.278	54	48	42	37	66	61	50	23

Wie aus Abbildung 5 hervorgeht, ist die Diagnoseerfassung in Niederösterreich und der Steiermark bereits sehr gut etabliert. Knapp 80% der LKV-Betriebe nehmen am Projekt teil. Von 85-90% dieser Betriebe werden auch Diagnosen erfasst. Wie die Abbildungen 5 und 6 zeigen, gibt es große regionale Unterschiede. Auswertungen auf Gemeindeebene weisen auf die Bedeutung des Engagements einzelner Personen hin. Der große Einfluss von einzelnen Meinungsbildnern ist an den Ergebnissen von Tirol und Vorarlberg abzulesen. Kontinuierliche Motivation und Information über den Nutzen ist nach wie vor notwendig. Aus den Ergebnissen ist auch abzulesen, dass die Teilnahme sowohl bei den Landwirten als auch den Tierärzten weiterhin gesteigert werden kann.

Das Projektziel war die Erreichung einer 70%igen Teilnahme mit Diagnosedatenübermittlung. Wie aus Tabelle 1 hervorgeht, konnte das Ziel in Niederösterreich und der Steiermark erreicht werden. Österreichweit nehmen mit Ende Februar 2010 54% der LKV-Betriebe teil, von 66% der Betriebe sind auch Diagnosedaten im Rinderdatenverbund erfasst.

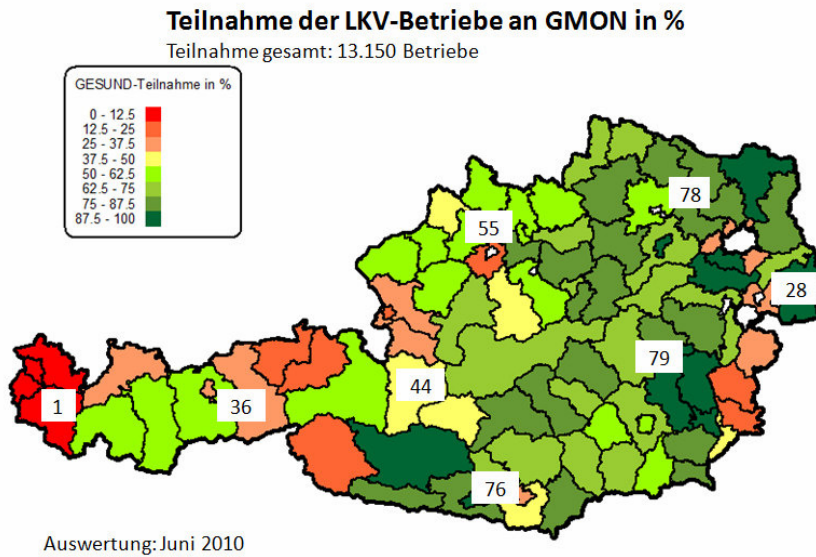


Abbildung 5: Teilnahme der LKV-Betriebe am Projekt GMON nach Bezirken (Stand Juni 2010)

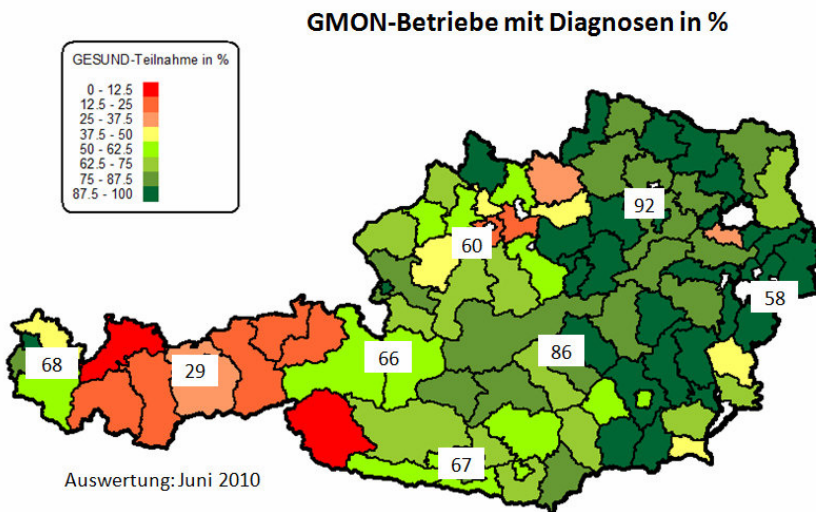


Abbildung 6: Anteil der GMON-Betriebe mit Diagnosen nach Bezirken (Stand Juni 2010)

5.1.3 Diagnosedatenerfassung

Insgesamt wurden bisher ca. 270.000 Erstdiagnosen erfasst, davon ca. 50% elektronisch übermittelt. Die häufigsten Diagnosen sind in Abbildung 7 angeführt.

Anteil Diagnosen in %

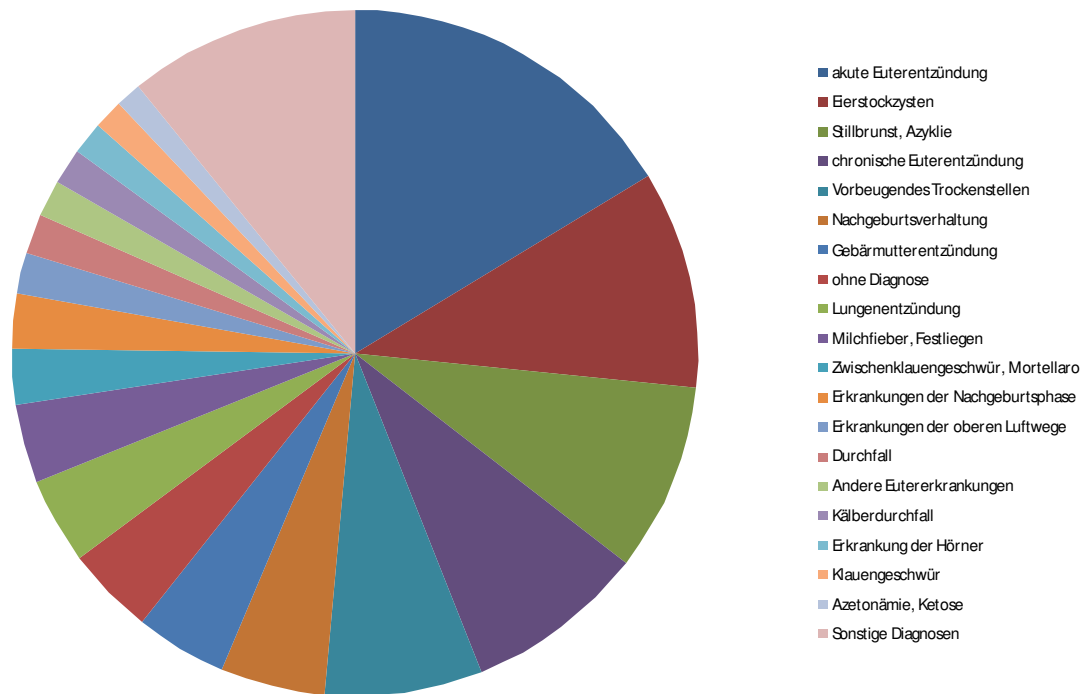


Abbildung 7: Die häufigsten Erstdiagnosen in %

Weitere Informationen zum Aufbau der Datenerfassung und Umsetzung sind in den Vortragsunterlagen für die ICAR-Tagung in Riga, 2010 und den WCGALP in Leipzig, 2010 beschrieben.



Registration of health traits in Austria – Experience review

C. Egger-Danner¹, W. Obritzhauser², B. Fuerst-Waltl³, B. Grassauer², R. Janacek⁴, F. Schaller⁵, C. Litzllachner⁶, A. Koeck³, M. Mayerhofer¹, M. Miesenberger⁷, G. Schoder⁴, F. Sturmlechner¹, A. Wagner¹ and K. Zottl⁵

¹ZAR/ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19, A-1200 Vienna,

²Chamber of Veterinaries, Biberstr. 22, A-1010 Vienna,

³BOKU - University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna, Division of Livestock Sciences, Gregor-Mendel-Str. 33, A-1180 Vienna,

⁴Representative of Animal Health Organizations, Landhausplatz 1, A-3109 St. Pölten and Bahnhofplatz 1, A-4021 Linz,

⁵Representative of Performance Recording Organizations, Hammerlinggasse 3, A-8010 Graz and P.Werner Deibl-Straße 4, A-3910 Zwettl,

⁶Representative of Breeding Organizations, Volksfestplatz 1, A-4910 Ried im Innkreis,

⁷Chamber of Agriculture, Schauflergasse 6, A-1014 Vienna,

⁷Representative of Breeding Organizations, Volksfestplatz 1, A-4910 Ried im Innkreis.

Abstract

A project to establish an Austrian wide health monitoring system for cattle started in 2006. Veterinary diagnostic data, which have to be documented by law (law of animal drug control) are standardised, validated and recorded into a central cattle database. This Austrian wide project is a collaboration between agricultural and veterinarian organizations as well as universities and is further supported by the ministries. Beside provision of reports for herd management and preventive measures, breeding values for health traits and monitoring of the health status are project objectives. The precondition for an efficient use of health records are valid data. The challenge hereby is to distinguish between farms with low frequencies of diseases as well as incomplete documentation and recording. Presently 13,150 farms with about 220,000 cows are participating. Significant regional participation discrepancies are observed: from 80% participation in the eastern part of Austria to almost 0 in the very western part of Austria. The project is going to terminate at the end of 2010. Measures are undertaken to establish a routine monitoring system for health traits. The Austrian experiences in setting up a system of health registration with its successes and difficulties are described.

Keywords: registration, health traits, challenges

Introduction

Improved animal health is gaining increasing importance worldwide, because of its effect on farm economy and animal welfare but also as food security is of interest from the consumer perspective.

In Scandinavian countries, animal health data have been routinely collected and utilized for decades (Aamand, 2006, Philipsson and Linde, 2003, Nielsen, 2000). Experiences from these countries show that health traits can be successfully improved (Østerås and Sølvérød, 2005, Heringstad et al., 2007). The EU Animal Health policy: "Prevention is better than cure" (European Commission, 2007) stresses the importance to register health data and use them for preventive measures.

In Austria, recording of diagnostic data and treatments is obligatory by law since 2002. However, before the project "Health monitoring in cattle" started in Austria, those data were neither standardised, nor routinely collected and stored in a common database and could therefore not be used for breeding and management purposes.

Within the project a health monitoring system for cattle in Austria including all animals under performance recording has been established. The data are primarily used for management and breeding purposes. Operating figures about the cattle health status are another project aim.

The paper describes the concept, measures and experiences gained through four years of implementation of the project.

Aims

The project aims are the increase of animal health in cattle by breeding and management measures resulting in an improved economic sustainability. An overall aim is the increase in food security. By working together within this project, the collaboration between agriculture and veterinarians will be strengthened. The project also is expected to have an impact on the positioning of the Austrian Agriculture.

Main project aims:

- Development and implementation of a system to collect diagnostic data.
- Health reports for farmers and veterinarians as well as the centres of the Animal Health Organizations (TGD).
- Genetic evaluation for health traits.

Methods and Measures

Project organization

Under the leadership of the Federation of Austrian Cattle Breeders (ZAR) a health monitoring system has been elaborated and implemented in close cooperation with the organizations involved in animal health issues. These are the Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management, the Ministry of Health, the University of Veterinary Medicine Vienna, the University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna, the Animal Health Organizations, the Chamber of Agriculture, and the Chamber of Veterinarians. The Federation of Austrian Cattle Breeders, also representing performance recording and breeding organizations is the project executing organization.

The project is managed by a steering committee. Temporary working groups have been set up to elaborate different project aspects (health reports, breeding values, training module,...).

Project history

The project officially started in 2006. The set up of the project and preparation was carried out in 2005 and beginning of 2006. The different measures carried out within the project are listed in table 1. In 2010 the main emphasis is put on the implementation into the routine.

Table 1: Timeframe of implementation of different measures within the project

	2005		2006	2007	2008	2009	2010
Preparation							
Elaboration of the project design and financing	x	x	x				
Legal basis for health data recording			x				
Technical aspects of recording			x				

implemented												
Project implementation												
Motivation and information				x	x	x	x	x	x	x	x	x
Provision of health reports after each milk recording				x	x	x	x	x	x	x	x	x
Monitoring of recording and data validation			x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Promotional program for direct electronic transmission of diagnoses data by veterinarians					x	x	x	x	x	x	x	x
Web based annual health reports							x	x	x	x	x	x
Educational project based on health reports								x	x			x
Research project to elaborate a genetic evaluation				x	x	x	x	x	x	x	x	x
Publication of first breeding values for Fleckvieh									x	x	x	x
Continuous improvement of health reports						x	x	x	x	x	x	x
Key figures on animal health										x	x	x
Implementation to routine												
TGD-programme health monitoring											x	x
Health traits part of the breeding programme												
• Tyrolean Grey						x						
• Fleckvieh											x	

Health data registration

Legal framework:

Based on the law of drug control 2002/2005, diagnoses have to be documented on the receipt for the documentation of drugs. Due to a by-law on residual control, enacted and realized treatments have to be indicated in a special book at the farm. According the publication GZ 74.200/0012 – IV/D/8/2006 published by the Ministry of Health in April 2006, diagnoses have to be specified with a two-digit code. The standardized key of diagnoses was published by the Ministry of Health before the project started.

Data type and standardization:

Diagnostic data are standardized by veterinarians using an elaborated key with 65 diagnoses subsumed to 10 groups. This key only includes on-site findings by veterinarians of major diagnoses relevant for breeding purposes but currently no laboratory results. To link more detailed keys of diagnoses used by veterinarians a list of synonyms was provided. The receipt for the documentation of drugs (law of animal drug control) has been extended by the two-digit code for the standardized diagnoses. From this receipt the number of the farm, the ID of the animal, the date of veterinary treatment, and the code of first

diagnoses only is recorded. The ID of the veterinarian is no mandatory field. Information on drugs is not recorded.

Figure 1: Excerpt of the receipt for the documentation of drugs with the newly introduced field for the standardized diagnoses

Arzneimittelanwendungs-, Arzneimittelabgabe-ur

Betrieb: (Name und Anschrift)		Leadschl: B=Behandl. NB=Nachtr. A=Abgabe + R=Rücknah T=Termin/T R=Ring S=Subst OH=Ordnung	
LFBISNr.: <input type="text"/>			
TA	Identität des Tieres OhrenmarkNr. BoxenNr.	Diarose- schlüssel [] [] [] []	Menge
B O			
A O			
R O			
			NS O

Data collection and data storage:

Diagnostic data are registered into the cattle database, where all other data from performance recording are stored.

Data may be transmitted electronically by the veterinarians or recorded by the performance organizations. Supplementary information (observations, hoof trimming) can be registered by farmers. This information is stored separately to distinguish observations from farmers and diagnoses of vets.

Data security:

Health data are very sensitive and therefore data security for farmers and veterinarians has to be warranted and given high priority. The farmers have to sign an agreement for recording of data explicitly stating the possible use of data. For provision of the health reports to veterinarians an additional agreement has to be signed. It is important that the farmer has only access to the diagnosis registered at his own farm. For the veterinarian it is important that the veterinarian number is only stored in the database without a link to the person. Therefore it is not possible to trace back to the veterinarian.

Data validation:

Precondition for the benefit of health data is a good data quality. Plausibility checks concerning diagnoses, identification of animal and herd are carried out before the data are stored in the database.

Only data from farms fulfilling criteria concerning continuous and complete registration of diagnoses are included in genetic analyses (Egger-Danner et al., 2009, Koeck et al., 2010). Emphasis is put on defining the observation period. A minimum of 0.1 first diagnoses per cow and year is required.

Promotional programme for electronic diagnostic data transmission:

To motivate the veterinarians to update their software for direct transmission of the diagnostic data an amount of 200 € was provided once. Additionally 10 cent are paid per electronically transmitted diagnosis during the course of a disease.

Health reports

Optimized herd management is important for an economically successful farming. To recognize problems early additional health information is valuable. Therefore diagnostic data were included to the already existing reports provided to the farmer after each milk recording. As a consequence of the project the veterinarian can also get this information if the farmer agrees.

Additionally annual reports were elaborated enabling the farmer to compare farm results to the ones of the previous year as well as to the average on district and province level.

Annual reports with comprehensive information on health aspects are provided in a long and short version. A graphical overview will soon be added. These annual reports are also used by the veterinarians for their evaluation of the herd health status of the supervised cattle herds within the Animal Health Organization. An internet based tool provides annual reports with daily updated information.

The use of the health reports by farmers and veterinarians is also an important contribution to data quality as incorrect documentation and recording of diagnostic data may be recognized.

Genetic evaluation

One major project aim is the provision of breeding values for health traits for sires. Before the project only indirect information as somatic cell count or indirect fertility traits has been used. Koeck et al. (2010 a, b) show that heritabilities for reproductive diseases and mastitis are comparable with those from analyses of health data by e.g. Heringstad et al. (2005) and Zwald et al. (2004 a,b). Since April 2009 first breeding values for fertility disorders, clinical mastitis and milk fever are provided to the farmers breeding Fleckvieh. Showing the existing genetic variation between bulls assists in motivation to support the project.

Motivation and information

To encourage farmers and veterinarians to adopt a new technology, emphasis needs to be put on information and awareness about benefits. At the beginning of the project, when no project results are available this is more difficult. Experiences from the Scandinavian countries are helpful. The employees of performance recording organizations were given the task of convincing farmers to join the project and to collect signed agreements to join the project. The veterinarians were informed by their Chamber and the Animal Health Organization. Before starting the information campaign the employees of the performance recording organizations and representatives from the other partner organizations were trained as disseminators.

Additionally more emphasis should have been put on convincing opinion leaders in advance to the project start and also on including breeding organizations in the motivation of the farmers more intensively. During the project progress reports were provided continuously. Further farmers and veterinarians were asked to share their experience about the use of the project.

Education project on health reports: For the interpretation of the health reports a special training programme was set up. It was realized that too much information was provided where many farmers were lacking the knowledge to interpret and work with this data. In a participatory way each farmer elaborated his plan of action; 6,500 farmers participated.

Operating figures about health status

The Ministries and the Animal Health Organizations will be provided with different operation figures on the animal health status and on the development of single diagnosis on regional and national level.

Implementation to the routine

To ensure that diagnoses are registered further on and used in management and breeding, information has to be adopted officially by the involved organizations in the routine. The following steps have already been achieved.

- Animal Health Programme (Ministry of Health, 2010): In March 2010 the Animal Health Organizations have decided that the Health monitoring programme is officially recognised. Information based on performance recording and health monitoring will be part of the evaluation process in supervised herds.
- Breeding programme: The Tyrolean Grey Association already decided in 2008 that monitoring of health traits is compulsory for its members. The Austrian Fleckvieh (Simmental) Federation adopted health traits to their breeding programme in April 2010.
- Permanent working group within the Federation of the Austrian Cattle Breeders (ZAR) with representatives of the different partner organizations will be set up to ensure that the monitoring of diagnoses is continued and further on developed.

Results and discussion

Participation

In most regions, the project to establish an Austrian wide health monitoring system started between September and December 2006. Table 2 shows the impact of implementation in different regions from 2007 till 2010. In total, 13,150 farms with 220,000 cows are presently participating.

Some regions achieved a very high participation within a few months with slow, but continuously increasing support by the veterinarians. Regions like Lower Austria and Styria have participation close to 80%. Presently about 80 to 90% of these farms are providing veterinary diagnoses, which results in approximately 70% of health registered cows. In the very western part of Austria, the project did not really start yet. The most essential prerequisite is the support of the opinion leaders in both, agricultural and veterinarian organizations. Surveys on farmers about their future breeding emphasis stress the desire to improve especially fertility and udder health. Nevertheless, continuous information is needed to strengthen confidence and to convince of the benefits.

Table 2: Number of dairy farms within the Austrian Dairy Herd Recording System, development of percentage of farms participating in the Health Monitoring (HM) and farms with veterinary diagnoses data in the database (HMVDR)

Regions	Farms	HM farms %				HMVDR farms %			
	Feb.10	Feb.10	Feb.09	Feb.08	Feb.07	Feb.10	Feb.09	Feb.08	Feb.07
Burgenland	136	23	17	13	12	55	54	36	21
Carinthia	1,288	76	76	73	71	64	53	42	14
L. Austria	3,925	78	77	77	76	90	80	64	21
U. Austria	4,864	55	51	33	28	58	49	49	24
Salzburg	2,194	44	44	42	41	65	59	42	11
Styria	3,383	79	66	63	61	85	82	66	37
Tyrol	6,009	36	23	20	7	20	13	3	0
Vorarlberg	1,479	1	1	0	0	58	50	0	0
Austria	23,278	54	48	42	37	66	61	50	23

Important project measures for success

Participative approach: For registration of veterinarian diagnoses the cooperation between farmers and veterinarians is needed at the different levels (farm, organizations on different levels). It is important that starting from the project design to the implementation all partners involved in cattle health issues are participating. In this way it can be achieved that the project aims and expectations of all the partners can be achieved. Synergies can be used and different aspects and knowledge can be contributed; e.g. the health reports were elaborated in cooperation of representatives from performance recording organizations, feeding experts, veterinarians and research.

Benefit for key players: Farmers and veterinarians are only ready to adopt new technologies and approaches, if they are convinced by the benefit and if the benefit-cost-analysis is to their advantage. Different expectations have to be fulfilled. Farmers and veterinarians are using this information to improve herd management. Ministries and Animal Health Organizations are interested in monitoring of the health status. For consumers, food safety is of importance. For farmers and breeding organizations the use for breeding purposes is the main goal. For motivation, early and continuous information about the results is essential. To endure the joint benefit and to reduce costs it is important to link and use infrastructure jointly.

Technical implementation with guaranteed data security: Before such a project may start, the technical structure has to be elaborated and questions especially concerning data security can be

answered in detail for farmers and veterinarians. A key of diagnoses which is accepted by the veterinarians is additionally essential. For genetic evaluation, a less detailed key of diagnoses would be sufficient. For fertility traits Koeck et al. (2010) showed that rather high genetic correlations between traits are observed. Due to low frequencies the breeding values can be estimated more reliably for combined traits. However, for veterinarians more detailed information about the diagnoses can be of interest.

Sustainable high quality data recording and validation: For opponents of health data recording the main arguments are insufficient data quality and data security. The easiest and best way of data recording is electronic transmission of diagnoses directly by the veterinarians. Once the software products have been adopted, the data can be provided directly to the data base without big effort. Veterinarians using electronic devices are normally recording all the measures taken. Analyses show that incidence rates based on diagnoses which are electronically transmitted are slightly higher for traits like (cystic ovarian disease) or metabolic disorders where also drugs without waiting periods are applied. Therefore the farmers were enabled to record additional information as observations themselves.

The data validation for breeding value estimation is very important especially at the beginning of setting up such a system. It cannot be taken for granted that all of the farms start recording diagnoses immediately after joining the projects. The distinction between farms with low frequencies and incomplete recording is a challenge.

Continuous information and motivation: To achieve a high participation, which is especially important for breeding purposes due to the rather low heritabilities of the health traits, continuous information, motivation and awareness are important. Farmers as well as veterinarians and especially their opinion leaders need to be convinced by the benefits and encouraged to participate.

Financing and economic aspects: It is important, that the project can be established without additional costs for farmers and veterinarians. The additional benefit has to be bigger than the effort involved. Basically the effort to record these diagnoses can be compared with recording of calving ease. On average about 0.7 first diagnoses (per course of a disease) per cow and year need to be registered. On the long term the additional effort has to be paid. An average calving interval of 398 days and an average SCC of 209,000 (ZuchtData, 2009) show the potential of cost saving. An economic study based on Austrian field data show that one month extended calving interval and an average SCC above 250,000 costs 125 and 180 € per cow and year, respectively (Stocker, 2008).

Legal framework: A continuous recording of health data based on broad participation is a big challenge. For the sustainability these traits have to be used routinely by the different organizations. Thus, legal frameworks for documentation and use of diagnostic data are very valuable (law of drug control, law of animal breeding). The inclusion of such traits in breeding goals and the use for preventive measures by veterinarians and Animal Health Organizations is especially important. A level has to be reached where health traits are recorded and used like other fitness traits.

Conclusions

The registration and utilization of health data is gaining importance. Measures to monitor and improve animal health and food security are sensible. Therefore the full support of all involved partner organizations is essential. Success depends on the cooperation between farmer and veterinarian on farm level as well as on the collaboration of breeding and performance recording organizations, veterinarians and researchers as well as on the support of the Chambers and Ministries. The cooperation is a challenge but also the chance to establish a joint system to share benefits and to use synergies efficiently. Performance recording data as well as diagnostic data are available for breeding and management purposes by the farmers and breeding organization, but the information can also be used by veterinarians and Animal Health Organizations.

For establishing a system of health monitoring beside a participative approach, an appropriate system of registration and data storage with warranted data security and the provision of benefits for all partners involved are essential. The motivation and information process is to our experience a much bigger challenge than setting up of the technical requirements. It is especially important to convince opinion leaders already at an early stage. Continuous information to build up confidence and to communicate the benefits are key factors for success.

For the sustainability of continuous recording of health data these traits have to be used routinely by the different organizations. Thus, legal frameworks for documentation and use of diagnostic data are very valuable.

Acknowledgements

The collaborative work of the project partners in Austria (Federation of Austrian Cattle Breeders, University of Natural Resources and Applied Life Sciences, University of Veterinary Medicine, Chamber of Agriculture, Chamber of Veterinaries, Animal Health Organizations, Performance Recording Organizations, Breeding Organizations) to establish a "Health monitoring system in cattle" and all dairy farmers and veterinarians participating are gratefully acknowledged. The project has been financed by the Federal Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management (BMLFUW) of Austria, the Ministry of Health and the Federation of Austrian Cattle Breeders (ZAR).

References

- Aamand, G. P. ,2006. Data Collection and Genetic Evaluation of Health Traits in the Nordic Countries. British Cattle Conference, Shrewsbury, UK, 2006.
- European Commission, 2007: European Union Animal Health Strategy (2007-2013): prevention is better than cure. http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/strategy/animal_health_strategy_en.pdf.
- Egger-Danner, C., B. Fuerst-Waltl, W. Holzhaecker, R. Janacek, J. Lederer, C. Litzllachner, C.Mader, M. Mayerhofer, J. Miesenberger, W. Obritzhauser, G. Schoder, and A. Wagner, 2007. Establishing a health monitoring for cattle in Austria: first experiences. In: EAAP-Book of Abstracts No 13: 58th Annual Meeting of the EAAP, 26-29.8.2007 Dublin, Ireland, 363.
- Egger-Danner, C., Koeck, A., Obritzhauser, W., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2009): Impact of health data quality on breeding efficiency in Austrian Fleckvieh cows. In: EAAP-Book of Abstracts No 15: 60th Annual Meeting of the EAAP, 24.-27.8.2009, Barcelona, 411.
- Heringstad, B., Rekaya, R., Gianola, D., Klemetsdal, G. and Weigel, K.A., 2003. Genetic Change for Clinical Mastitis in Norwegian Cattle: A Threshold Model Analysis. *J. Dairy Sci.* 86: 369-375.
- Heringstad, B., Chang, Y.M., Gianola, D. and Klemetsdal, G., 2005. Genetic correlations between clinical mastitis, milk fever, ketosis and retained placenta within and between the first three lactations of Norwegian Red (NRF). In: EAAP-Book of Abstracts No 11: 56th Annual Meeting of the EAAP, 3-4.6..2005 Uppsala, Sweden.
- Heringstad, B., Klemetsdal, G. and Steine, T., 2007. Selection responses for disease resistance in two selection experiments with Norwegian red cows. *J. Dairy Sci.* 90: 2419-2426.
- Koeck, A., C. Egger-Danner, C. Fuerst, W. Obritzhauser, und B. Fuerst-Waltl (2010). Genetic Analysis of Reproductive Disorders and their Relationship to Fertility and Milk Yield in Austrian Fleckvieh Dual Purpose Cows. *J. Dairy Sci.* 93: 2185-2194.
- Koeck, A., B. Heringstad, C. Egger-Danner, C. Fuerst, und B. Fuerst-Waltl (2010). Comparison of Different Models for Genetic Analysis of Clinical Mastitis in Austrian Fleckvieh Dual Purpose Cows. *J. Dairy Sci.* (in press).
- Ministry of Health, 2010. Kundmachung des TGD-Programms Gesundheitsmonitoring Rind. <http://www.bmg.gv.at/cms/site/standard.html?channel=CH0920&doc=CMS1271936439807>.
- Nielson, U. S., Aamand, G. P. and Mark, T., 2000. National Genetic Evaluation of Udder Health And Other Traits in Denmark. Interbull Open Meeting, Bled, 2000, Interbull Bulletin 25: 143-150.
- Obritzhauser, W., Egger-Danner, C., Grassauer, B., Holzhaecker, W., Winter, P. (2008). Preliminary results of a general health monitoring system for cattle in Austria. XXV. World Buiatrics Congress, Budapest, Hungary, July 7th, 2008.

- Østerås, O. and Solverød, L. (2005): Mastitis control systems: The Norwegian experience. In: Hogeveen, H. (Ed.), Mastitis in dairy production: Current knowledge and future solutions, Wageningen Academic Publishers, Niederlande, 91-101.
- Phillipson, J. and Lindhe, B., 2003. Experiences of including reproduction and health traits in Scandinavian dairy cattle breeding programmes. *Livestock Production Sci.* 83: 99-112.
- Stocker, F. 2008. Fitness – nur ein Schlagwort oder klarer wirtschaftlicher Nutzen? Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (Hrsg).
- Zwald, N. R. , Weigel, K. A., Chang, Y.M., Welper R. D. and Clay, J. S., 2004a. Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. I. Incidence Rates, Heritability Estimates and Sire Breeding Values. *J. Dairy Sci.* 87: 4287 – 4294.
- Zwald, N. R. , Weigel, K. A., Chang, Y.M., Welper R. D. and Clay, J. S., 2004b. Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. II. Genetic Correlations, Disease Probabilities and Relationships with Existing Traits. *J. Dairy Sci.* 87: 4295 – 4302.
- ZuchtData Jahresbericht, 2009. <http://www.zar.at/article/archive/25>.

Availability Of Health Data For Breeding Purposes – Challenges And Key Factors Of Success

C. Egger-Dammer[†], B. Fuerst-Waltl[†], W. Obritzhauser[‡], A. Koeck[†], B. Grassauer[†], R. Janacek[§], C. Litzllachner[#], M. Mayerhofer^{*}, J. Miesenberger^{||}, F. Schaller[¶], G. Schoder[§] and A. Wagner^{**}

Introduction

Genetic improvement of health traits is gaining increasing importance. The availability of reliable phenotypes for direct health traits very often constrains breeding for disease resistance with both, traditional and advanced genomic methods.

In Austrian cattle breeds, functional traits have a weight of almost 50% within the total merit index. However, presently no direct health data are included. For mastitis and fertility the auxiliary traits somatic cell count and traits based on insemination and calving are considered, respectively. In Scandinavian countries, animal health data have been routinely collected and utilized for years (e.g. Aamand (2006)). An Austrian wide health monitoring system for cattle based on diagnoses data has been established in 2006. All farms under performance recording are free to participate. The present paper describes the challenges and key factors of success for the implementation of a system to record phenotypes for health traits for breeding purposes based on the Austrian experiences.

Background and methods

General. Under the leadership of the Federation of Austrian Cattle Breeders (ZAR) a health monitoring system has been elaborated and implemented in close cooperation with the organizations involved in animal health issues. These are the Ministry of Health, the Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management, the University of Veterinary Science, the University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna, the Animal Health Organizations, the Chamber of Agriculture and the Chamber of Veterinarians.

Data.

Data type and standardization: Diagnostic data from veterinarians, which have to be documented according the law of drug control, are standardized by the veterinarians using an elaborated key with 65 diagnoses subsumed to 10 groups. This key only includes on-site findings by veterinarians of major diagnoses relevant for breeding purposes but currently no laboratory results. Apart from the latter, further records on health traits could be based on observations by farmers or hoof trimmers.

*ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19, A-1200 Vienna

[†]Univ. of Nat. Res. and Appl. Life Sci. Vienna, Div. of Livestock Sciences, Gregor Mendel-Str. 33, A-1180 Vienna

[‡]Chamber of Veterinarians, Biberstr. 22, A-1010 Vienna

[§]Animal Health Organizations, Landhausplatz 1, A-3109 St. Pölten, Bahnhofplatz 1, A-4010 Linz

[#]Chamber of Agriculture, Schauflergasse 6, A-1014 Vienna

^{*}Performance Recording Organization, Hammerlingasse 3, A-8010 Graz

^{||}Fleckviehzuchtverband Inn- und Hausruckviertel, Volksfestplatz 1, A-4910 Ried/Innkreis

^{**}Federation of Austrian Cattle Breeders (ZAR), Dresdner Str. 89/19, A-1200 Vienna, Austria

Data collection and data storage: Diagnostic data are stored in the cattle database. The data can be electronically transmitted by the veterinarians or recorded by the performance recording organizations. Supplementary information can be recorded by farmers.

Data security: Health data are very sensitive and therefore data security for farmers and veterinarians has to be warranted and given high priority.

Data validation: Precondition for the benefit of health data is a good data quality.

Plausibility checks concerning first diagnoses, identification of animal and herd are carried out before the data are stored in the database.

Validation by farmers and veterinarians: Farmers and veterinarians using the data for herd management provide a basis for correct data. Therefore the backflow of information is essential.

Determination of farms with incomplete diagnoses data and farms with very low incidence rates: Only data from farms fulfilling criteria concerning continuous and complete registration of diagnoses are included in genetic analyses (Egger-Danner et al. (2009), Koeck et al. (2010)).

Broad participation. Heritabilities for health traits are low (Heringstad et al. (2003), Zwald et al. (2004)) although genetic variation is present. For reliable breeding values the aim has to be that all farms testing progenies of bulls are also recording this information. It is important that not only herds with high management standards are included as there the genetic variation cannot be fully explored. This means that most of the farms under performance recording and their veterinarians have to be encouraged to participate.

Benefit for key player. Farmers and veterinarians are only ready to adopt new technologies and approaches, if they are convinced by the benefit and if the benefit-cost-analysis is to their advantage. Different expectations have to be fulfilled. Farmers and veterinarians are using this information to improve herd management. Ministries and animal health organisations are interested in monitoring of the health status. For consumers, food safety is of importance. For farmers and breeding organisation the use for breeding purposes is the main goal. A joint benefit can only be achieved if the system is developed in cooperation. For motivation, early and continuous information about the results is essential. To endure the joint benefit and to reduce costs it is important to link and use infrastructure jointly.

Legal framework. A continuous recording of health data based on broad participation is a big challenge. For the sustainability these traits have to be used routinely by the different organisations. Thus, legal frameworks for documentation and use of diagnostic data are very valuable (law of drug control, law of animal breeding). The inclusion of such traits in breeding goals and the use for preventive measures by veterinarians and animal health organisations is especially important. A level has to be reached where health traits are recorded and used like other fitness traits.

Results and discussion

Participation. The challenge is to get valid phenotypes of the daughters of test bulls. Presently the average progeny size per test bull in Austria varies between 60 and 120 with differences between the regions. Inseminating each first calving cow with a test bull is compulsory. Therefore all farms being part of the Austrian Dairy Herd Recording System are motivated to actively participate in the Health Monitoring project.

In most regions, the project to establish an Austrian wide health monitoring system has started between September and December 2006. Table 1 shows the impact of implementation in different regions from 2007 till 2010. Some regions achieved a very high participation within a few months with slow, but continuous increasing support by the veterinarians. Regions like Lower Austria and Styria have participation close to 80%. About 80 to 90% of these farms presently provide veterinary diagnoses, which results in approximately 70% of health registered cows. The most essential prerequisite is the support of the opinion leaders in both, agricultural and veterinarian organizations. Surveys on farmers about their future breeding emphasis stress the desire to improve especially fertility and udder health. Nevertheless, continuous information to provide confidence in the system and to convince of the benefits are keys for success.

Table 1: Number of dairy farms within the Austrian Dairy Herd Recording System, development of percentage of farms participating in the Health Monitoring (HM) and farms with veterinary diagnoses data in the database (HMVDR)

Regions	farms		HM farms %			H MVDR farms %			
	Feb.10	Feb.10	Feb.09	Feb.08	Feb.07	Feb.10	Feb.09	Feb.08	Feb.07
Burgenland	136	23	17	13	12	55	54	36	21
Carinthia	1,288	76	76	73	71	64	53	42	14
L. Austria	3,925	78	77	77	76	90	80	64	21
U. Austria	4,864	55	51	33	28	58	49	49	24
Salzburg	2,194	44	44	42	41	65	59	42	11
Styria	3,383	79	66	63	61	85	82	66	37
Tyrol	6,009	36	23	20	7	20	13	3	0
Vorarlberg	1,479	1	1	0	0	58	50	0	0
Austria	23,278	54	48	42	37	66	61	50	23

Data quality. Due to strict data validation presently 30% of the farms with health registration are excluded from breeding value estimation. On average, 0.61 first diagnoses are recorded per cow and year. Koeck et al. (2010) estimated heritabilities of 0.06 for reproductive disorders and 0.07 for clinical mastitis in Austrian Fleckvieh based on threshold models. To guarantee a good data quality, continuously constant monitoring by the performance recording organizations is very valuable. A survey based on 600 farms showed that despite of promotion not all farms and their veterinarians are ready to provide reliable health data. Thus, a system of test herds could be favourable (König et al. (2009)).

Phenotypes for genetic evaluations. Breeding values for mastitis based on more than 100 daughter records are currently only achieved by bulls with second crop daughters. Regions with about 70% of cows within health registration (Lower Austria and Styria) are on average reaching 50 progenies for their current test bulls (Table 2). This provides an accuracy above 0.60 for traits with heritability above 0.05 (Shook (1989)).

Table 2: Numbers of records used of bulls for breeding value estimation for milk and mastitis only tested in regions with high participation in HM (Lower Austria/Styria)

test program year	No.bulls	No. records milk 100 d			No. records mastitis 50d		
		Avg	Min	Max	Avg	Min	Max
1999-2002	51	867	48	5,424	226	18	1,013
2003	16	100	53	165	50	20	78
2004	26	116	62	260	54	20	112

To increase the reliability of breeding values for health traits different measures could be taken: Broad participation within the farms under performance recording by increasing the progeny size per test bull. An alternative approach could be to concentrate progenies of test bulls on farms with reliable health registration. With genomic selection a reduction of the number of test bulls is expected. Therefore as long as data from the Dairy Herd Recording System are collected on a broad scale and health registrations are continued the number of progeny with health phenotypes will increase.

Conclusion

Due to low heritabilities, a large amount of valid phenotypes is needed for reliable breeding values for health traits. According to Austrian experiences a participation of about 70% of the dairy cows is possible on voluntary basis, but supportive circumstances. To achieve sufficient phenotypes for direct health traits it is recommended to increase either the number of progenies per test bull or to concentrate progenies of test bulls on farms with reliable health registrations. Continuous health registration on a high level of participation is a big challenge, which will be more easily sustained if a benefit for the different key players involved is guaranteed. A legal framework and the support by opinion leaders from agricultural and veterinarian organisations are important.

*Financed by the Ministry of Agriculture, Forestry, Environment, and Water management, the Ministry of Health and Families and Youth, the Federal States and the Federation of Austrian Cattle Breeders. Birgit Fuerst-Waltl was supported by the Austrian Science Foundation (FWF; Elise-Richter Program V43-B12).

References

- Aamand, G. P. (2006). *British Cattle Conference, Shrewsbury, UK, 2006*.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Janacek, R. *et al.* (2007). In: *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP*, page 205.
- Heringstad, B., Chang, Y.M., Gianola, D. *et al.* (2005). *J. Dairy Sci.* 88:1509-1514.
- Koenig, S., Brügemann K., Simianer, H. *et al.* (2008). *Züchtungskunde*, 80 (2):114-126.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C. *et al.* (2010). *J. Dairy Sci.*, (accepted).
- Shook, G. E. (1989). *J. Dairy Sci.* 72:1349-1362.
- Zwald, N. R. , Weigel, K. A., Chang, Y.M. *et al.* (2004). *J. Dairy Sci.* 87:4287–4294

5.2 Gesundheitsberichte für Landwirte und Tierärzte

Gutes Herdenmanagement zeichnet einen erfolgreichen und gesunden Betrieb aus. Um Bestandesprobleme frühzeitig erkennen zu können, sind Gesundheitsberichte (Diagnosedaten mit weiteren Informationen aus der Leistungsprüfung) wertvoll. Mit der Zustimmung des Landwirtes werden diese Informationen an den Tierarzt zur Bestandesbetreuung weitergegeben, um eine effiziente Beratung zur Krankheitsvorbeugung und Krankheitsbekämpfung zu erleichtern. Die Berücksichtigung der Diagnosedaten im LKV-Tagesbericht hilft zB den Erfolg von durchgeführten Behandlungen zu kontrollieren.

Als Hilfsmittel für die Analyse der eigenen Stärken und Schwächen mit der Möglichkeit des Vergleichs zu anderen Betrieben auf Bezirks- und Landesebene wird ein Jahresbericht Tiergesundheit zur Verfügung gestellt. Dieser steht auch tagesaktuell für die Betriebserhebung im TGD zur Verfügung (Egger-Danner et al., 2008).

Detaillierte Informationen sind dem Sonderdruck „Moderne Werkzeuge für das Herdenmanagement“ (ZAR, 2008) zu entnehmen.

	Einheit	Anzahl	Betrieb aktuell	Betrieb Vorjahr	Bezirk	Land
Auswertez Zeitraum 02.09.2007 - 01.09.2008 im Vergleich zu Jahresbericht 2007						
Allgemein						
Kuhzahl	Anzahl		23,2	12,8	15,6	
Milchmenge	kg		7.255	6.513	7.048	
Fett	%		3,89	4,15	4,18	
Eiweiß	%		3,28	3,43	3,46	
Abgänge gesamt	%	4	16,1	4,3	29,6	30,7
Fruchtbarkeit						
Anzahl der Abkalbungen	Anzahl		18	22		
erwartete Zwischenkalbezeit	Tage	25	394		397	409
Erstbesamungsindex	Anzahl	33	2,0	1,7	1,5	1,7
Abgänge Unfruchtbarkeit	Anzahl		0	0		
Summe Diagnosen Fruchtbarkeit	Anzahl		14	16		
Eutergesundheit						
Zellzahldurchschnitt	in 1000	138	200	317	181	190
Anzahl Zellzahl über 200.000	Anzahl		29	48		
Anteil Zellzahl über 200.000	%	29	21,0	28,4	21,2	22,8
Abgänge Euterkrankheiten	Anzahl		0	0		
Summe Diagnosen Euter	Anzahl		5	1		
Stoffwechselbereich						
Ø Fett-Eiweißquotient 1. - 100. Laktationstag	F/E	52	1,22	1,24	1,24	1,26
Summe Diagnosen Stoffwechsel	Anzahl		0	0		
Klauen und Gliedmaßen						
Summe Diagnosen Klauen und Gliedmaßen	Anzahl		0	0		
Kälber bis 6 Monate						
Anzahl Totgeburten/Verendung	Anzahl		1	1		
Summe Diagnosen Durchfallerkrankung	Anzahl		0	0		

Abbildung 8: Auszug aus dem tagesaktuellen Kurzbericht Tiergesundheit

Arbeitsgruppe:

Gemeinsam mit Vertretern aus Leistungsprüfung, Tiergesundheitsdienst, Tierärzteschaft, Rinderzucht, Wissenschaft und Fütterungsexperten wurden diese Gesundheitsberichte ausgearbeitet.

TGD- Programm Gesundheitsmonitoring:

Das TGD-Programm Gesundheitsmonitoring wurde im März 2010 vom Beirat Österreichischer Tiergesundheitsdienst beschlossen. Es ist damit offiziell in die Arbeit im Rahmen des Tiergesundheitsdienstes integriert (siehe Anlage). Damit wurde ein wichtiger Schritt der Entwicklung zu mehr Vorsorge gesetzt.

5.3 Kennzahlen Tiergesundheit

Gesundheitsrelevante Kennzahlen sind für das Monitoring der Entwicklung von Erkrankungen und die Beurteilung der Situation von einzelnen Betrieben im Vergleich sehr wertvoll und wichtig. Das Monitoring der Entwicklungen gewinnt auch hinsichtlich der zu erwartenden Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt durch die genomische Selektion verstärkt an Bedeutung.

Durch dieses Projekt stehen bei österreichischen Rinderrassen Auswertungen zu Inzidenzen etc. mit einer großen Datenbasis zur Verfügung (Obritzhauser et al. 2008, Schwarzenbacher et al. 2010). Weitere Informationen sind im Bericht im Kapitel 7. Häufigkeiten der Erkrankungen zu finden.

Für 2011 ist vorgesehen, dass ein Bericht mit gesundheitsrelevanten Kennzahlen von der ZuchtData zur Verfügung gestellt wird.

5.4 Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale

Die Beschreibung zur Entwicklung der Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale ist in den nachfolgenden Kapiteln dargestellt.

6 Datenvalidierung

Basis für die Zuchtwertschätzung sind vom Tierarzt codierte Erstdiagnosen auf den Arzneimittelbelegen. Die Daten werden entweder im Zuge der Leistungsprüfung vom LKV-Mitarbeiter erfasst oder vom Tierarzt direkt elektronisch in die Datenbank übermittelt. Die Diagnosedaten werden bei der Eingabe in die Datenbank einer automatischen Plausibilitätsprüfung unterzogen. Hier wird geprüft, ob der übermittelte Datensatz eine Erstdiagnose sein kann oder ob der Datensatz von einer Nachbehandlung stammt. Verwendet werden nur Erstdiagnosen. Weiters werden Plausibilitätsprüfungen hinsichtlich Zeitpunkt der Diagnose, Tieridentität und Betriebszugehörigkeit routinemäßig durchgeführt (siehe Anlage TGD-Programm Gesundheitsmonitoring).

Für die Aussagekraft von Gesundheitszuchtwerten und Kennzahlen ist entscheidend, dass die Datengrundlage vertrauenswürdig ist. Nur Daten von Betrieben mit zuverlässigen Diagnosedaten sind zu berücksichtigen. Daher wird geprüft, ob in einem Betrieb nur wenige Erkrankungen auftreten, oder ob ein Betrieb nur unvollständige Diagnosen meldet. Auswertungen zeigen, dass bei vollständiger Dokumentation und direkter elektronischer Diagnosedatenübermittlung im Durchschnitt mit ca. 0,7 Erstdiagnosen pro Kuh und Jahr zu rechnen ist. Die Diagnosecodes 56 (prophylaktisches Trockenstellen) und 00 (sonstige Diagnose) sind dabei nicht berücksichtigt. Für die ersten Veröffentlichungen von Gesundheitszuchtwerten wurden nur Betriebe mit hauptsächlicher Betreuung durch einen Tierarzt mit bisher mindestens 200 Erstdiagnosen in der Datenbank herangezogen. Dadurch werden nur fallweise codierte Diagnosen nicht berücksichtigt. Durch diese Regelung fallen jedoch Betriebe mit vollständiger Diagnosedatenlieferung, die aber vom Tierarzt, der keine Tierarzt Nummer am Arzneimittelbeleg angeführt wurde, oder vom Tierarzt, der nur wenige Gesundheitsmonitoring Betriebe betreut werden und von diesem deshalb die 200 Erstdiagnosen bisher nicht erreicht wurde, heraus.

Im Zuge der Validierung für die Routinezuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale wurden nun auch Betriebe validiert, die von Tierärzten betreut werden, wo kein Tierarztcode auf den Arzneimittelbelegen vermerkt wird. Daher wurde die Einschränkung erweitert:

- Tierärzte mit mind. 200 Erstdiagnosen und Hauptbetreuung Betrieb oder mind. 200 ED und mind. 50% elektronisch oder KA mit mind. 200 Erstdiagnosen.

Auswertungen nach LKV-Mitarbeitern zeigen, dass es teilweise doch beträchtliche Unterschiede in der durchschnittlichen Anzahl der Diagnosen pro Kuh über die betreuten Betriebe gibt. Möglichkeiten zur Evaluierung hinsichtlich vollständiger Diagnosedatenerfassung hinsichtlich LKV-Mitarbeiter ergänzend zur Mindestanzahl Diagnosen wurden geprüft. Diese sind für die Routine-Zuchtwertschätzung aber nicht umsetzbar. Daher werden diese Unterschiede in der Routine-Zuchtwertschätzung über die Berücksichtigung der Erfassungsart und des LKV-Mitarbeiters berücksichtigt.

Um Betriebe auszuschließen, in denen Diagnosecodierungen und Diagnoseübermittlungen nur in Einzelfällen erfolgen, wird eine Mindestfrequenz von 0,1 gemeldeten Erstdiagnosen (ohne Diagnosecode 56 und 00) pro Kuh und Jahr vorausgesetzt. In einigen Fällen kann dadurch ein Betrieb mit sehr wenigen Diagnosen bei der Zuchtwertschätzung unberücksichtigt bleiben. Es ist jedoch anzunehmen, dass ohne diese Untergrenze der Schätzfehler durch die Hereinnahme von Betrieben mit unvollständiger Diagnosedatenmeldung größer wäre. In Dänemark wird eine Grenze von 0,3 Diagnosen herangezogen (Nielsen et al. 2000).

Die Überprüfung dieses Kriteriums (0,1 ED/Kuh und Jahr) pro Jahr hat den Nachteil, dass es bei kleinen Herdengrößen weniger stabil ist, als wenn der Durchschnitt über einen größeren Zeitraum analysiert wird. Eine Beurteilung über den Gesamtzeitraum würde in der Routinezuchtwertschätzung zu Fluktuationen zwischen den Betrieben, die in die Zuchtwertschätzung eingehen, führen. Wichtig ist, dass der Auswertungszeitraum eingegrenzt wird.

Für jeden Betrieb wird der Auswertungszeitraum individuell festgelegt, wobei der Beginn der Projektteilnahme, das Datum der ersten Diagnoselieferung des Betriebes sowie das Datum der ersten Diagnoselieferung durch den Tierarzt bzw. den LKV-Mitarbeiter berücksichtigt wird. Weiters werden nur Betriebe mit kontinuierlicher Datenlieferung zur Datenauswertung herangezogen. Die kontinuierliche Diagnoseübermittlung durch den Tierarzt wird ebenfalls geprüft. Wenn zB die Diagnosedatenerfassung eingestellt wird, so wird dadurch gewährleistet, dass dann die Tiere von einem solchen Betrieb nur im Zeitraum der verlässlichen Datenerfassung berücksichtigt werden. In Norwegen wird das Auftreten der ersten

Diagnose als Beginn der Diagnosedatenerfassung herangezogen. Bei jedem Tier wird der Auswertzeitraum individuell festgelegt. Hier wird die Nutzungsart, Erstabkalbung und Zugehörigkeit zum validierten Betrieb berücksichtigt. Jeder Betrieb wird auf kontinuierliche Diagnosedatenübermittlung analysiert und der Auswertzeitraum gegebenenfalls angepasst.

In der Tabelle 1 ist dargestellt, wie viele Betriebe beim Testlauf für die Routine-Zuchtwertschätzung im Dezember 2010 bei der Validierung ausscheiden.

Tabelle 1: Übersicht über die Anzahl der LKV-Milchbetriebe, der GMON-Betriebe, GMON-Betriebe mit mindestens einer Diagnosen und der Anzahl der validierten Betriebe nach Bundesland.

	LKV- Betriebe	GMON- Mitglied	Betriebe mit >1 Diagnose	Validierte Betriebe für ZWS 11/2010	
				gesamt	Fleckvieh
Bgld	136	45	30		
Ktn	1.270	1.001	682	357	301
NÖ	3.876	3.154	2.808	2252	2172
OÖ	4.792	2.720	1.592	907	873
Sbg	2.166	983	630	339	267
Stmk	3.323	2.694	2.310	1867	1613
Tirol	5.916	2.568	654	252	23
Vlbg.	1.464	26	13		
Gesamt	22.943	13.191	8.719	5.974	5.249
Val. Betriebe in % der LKV				26,04	
Val. Betriebe in % der GMON-Betriebe				45,29	
Val. Betriebe in % der Betriebe mit Diagnosen				68,52	

Resümee Datenvalidierung

Die Datenvalidierung ist die Voraussetzung für zuverlässige Zuchtwerte und Kennzahlen. Auswirkungen sind im Poster, das 2009 bei der EAAP in Barcelona vorgestellt wurde, dargestellt (Abbildung). Durch die Datenvalidierung werden aktuell ca. 70% der Betriebe mit Diagnosen für die Zuchtwertschätzung herangezogen. Analysen zeigen, dass es Unterschiede in der Vollständigkeit der Daten abhängig von der Erfassungsart gibt. Bei der elektronischen Erfassung werden ca. 0,7 Erstdiagnosen pro Kuh und Jahr erfasst, bei der händischen Erfassung durch den

LKV-Mitarbeiter sind es ca. 0,4 Erstdiagnosen pro Kuh und Jahr. Auswertungen zeigen, dass diese Unterschiede bei Diagnosen, wo meist Arzneimittel ohne Wartezeiten verabreicht werden, stärker ausgeprägt sind. Mögliche Ursachen (fehlende Codierung, fehlender Beleg, nicht vorgelegt) werden analysiert.

Literatur

Aamand, G. P. (2006). Data Collection and Genetic Evaluation of Health Traits in the Nordic Countries. British Cattle Conference, Shrewsbury, UK.

Aumueller, R., Bleriot, G., Neeteson, A. M., Neuteboon, M., Osstenbach, P., Rehben, E. (2009). EADGENE Animal - Health Data Comparison Recommendations for the Future. http://www.eadgene.info/Portals/0/WP10_1_Public_Downloads/EAD_GENE_Annex_VF.pdf

Nielsen, U. S., Aamand, G. P., Mark, T. (2000). National Genetic Evaluation of Udder Health And Other Traits in Denmark. Interbull Open Meeting, Bled, 2000, Interbull Bulletin 25: 143-150.

Neuenschwander, T. F.-O., Miglior, F., Jamrocik, J., Schaeffer, L. R. (2008). Comparison of Different Methods to Validate a Dataset with Producer-Recorded Health Events. http://cgil.uoguelph.ca/dcbgc/Agenda0809/Health_180908.pdf

Kelton, D. F., Lissemore, K. D., Martin. R. E. (1998). Recommendations for Recording and Calculating the Incidence of Selected Clinical Diseases of Dairy Cattle. J. Dairy Sci. 81: 2502-2509.

Abbildung: Analyse zur Datenvalidierung (Poster, EAAP 2009, Barcelona)

IMPACT OF HEALTH DATA QUALITY ON BREEDING EFFICIENCY IN AUSTRIAN FLECKVIEH COWS CG38.24



Egger-Danner, C.¹, Koeck, A.², Obritzhauser, W.³, Fuerst, C.¹ and Fuerst-Waltl, B.²

¹ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Strasse 89, 1200 Vienna,

²University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna (BOKU), Gregor-Mendel-Strasse 33, 1180 Vienna,

³Österreichische Tierärztekammer, Biberstraße 22, 1010 Vienna, Austria.

Conclusions

- Data validation with reliable distinction between farms with low frequencies and farms with uncomplete health data documentation is a challenge.
- Stringent data validation results in higher heritabilities and higher incidence rates. Impact higher for fertility traits.
- Indication that vets with fewer diagnosis might not fully document drugs without waiting period. Direct electronic transmission of health data by veterinarians advantage for data quality.
- For breeding value estimation only farms with continuous and reliable diagnoses documentation used (Austria: first breeding values for health traits since April 2009).
- Evaluation of use of additional health informations observed and recorded by farmers presently carried out.

Background and Aims

- Austrian wide health monitoring system based on veterinary first diagnoses since 2006
- Presently 12,800 farms with 210,000 cows participating
- Project aims: support for herd management and breeding values for health traits
- Impact of strictness in data validation for breeding purposes analysed

Data and validation

- Fleckvieh cows with calving between Jan. 2007 and Nov. 2008 and parity 1 to 5
- minimum number of 0.1 first diagnoses per cow, year and farm general precondition
- Dataset with stringent criteria: only farms assisted by vets with more than 500 first diagnoses provided to the database
- Dataset with less stringent criteria: assisted by vets with more than 200 first diagnoses

Heritabilities and incidence rates

Mastitis (10 d before to 50 d after calving)

Data validation	n	Incidence rate (%)	Heritabilities
stringent	20,203	5.62	0.068 _{0.027}
less stringent	38,294	4.87	0.066 _{0.022}

Fertility disorders (to 150 d after calving)

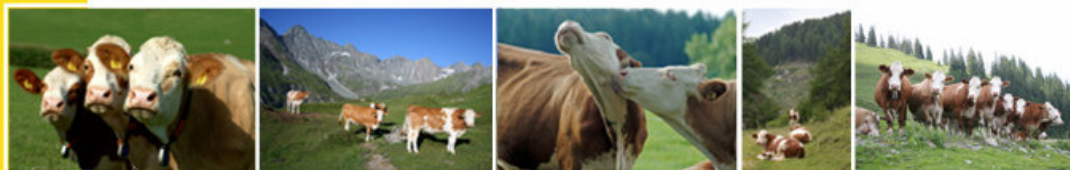
Data validation	n	Incidence rate (%)	Heritabilities
stringent	15,620	15.72	0.067 _{0.020}
less stringent	28,858	12.78	0.036 _{0.012}

Trait definition

- Mastitis (10 d before to 50 d after calving)
- Fertility disorders (to 150 d after calving) including metritis, cystic ovarian disease, retention of fetal membranes and puerperal disease. Silent heat and anoestrus not included (low heritable)

Models

- Binary traits (0/1)
- Heritabilities: threshold sire model
- Effects: parity (fixed), herd*year*season (random), sire (random)
- Incidence rate: only one first diagnosis per cow within period considered



7 Häufigkeiten der Erkrankungen

Basierend auf den validierten Daten für die Zuchtwertschätzung (mindestens 0,1 Erstdiagnosen/Kuh/Jahr am Betrieb, kontinuierliche Datenlieferung, siehe Kapitel 6) aus dem Jahr 2008 wurden Krankheitsinzidenzen bei der Rasse Fleckvieh berechnet.

Zur Berechnung der Krankheitsinzidenzen wurden ausschließlich Neuerkrankungen herangezogen. Die Berechnung erfolgt nach der folgenden Formel (Kelton et al., 1998):

$$\text{Inzidenz (\%)} = \frac{\text{neu erkrankte Individuen während Beobachtungsperiode}}{\text{Summe der Beobachtungsperioden über alle Individuen einer Periode}}$$

Solche Inzidenzen dienen in epidemiologischen Studien der Beantwortung folgender Fragen:

- Welches sind die wichtigsten Krankheiten in den betrachteten Populationen, wo besteht der dringlichste Handlungsbedarf sowohl aus ökonomischen wie auch aus ethischen Gesichtspunkten?
- Was sind die Kausalfaktoren die am Entstehen von Krankheiten beteiligt sind?
- Wie hoch sind die Risikobeiträge der einzelnen Faktoren?
- Wie effektiv waren gesetzte Maßnahmen, sowohl in vertikalen als auch horizontalen Betriebs- und Regionenvergleichen.

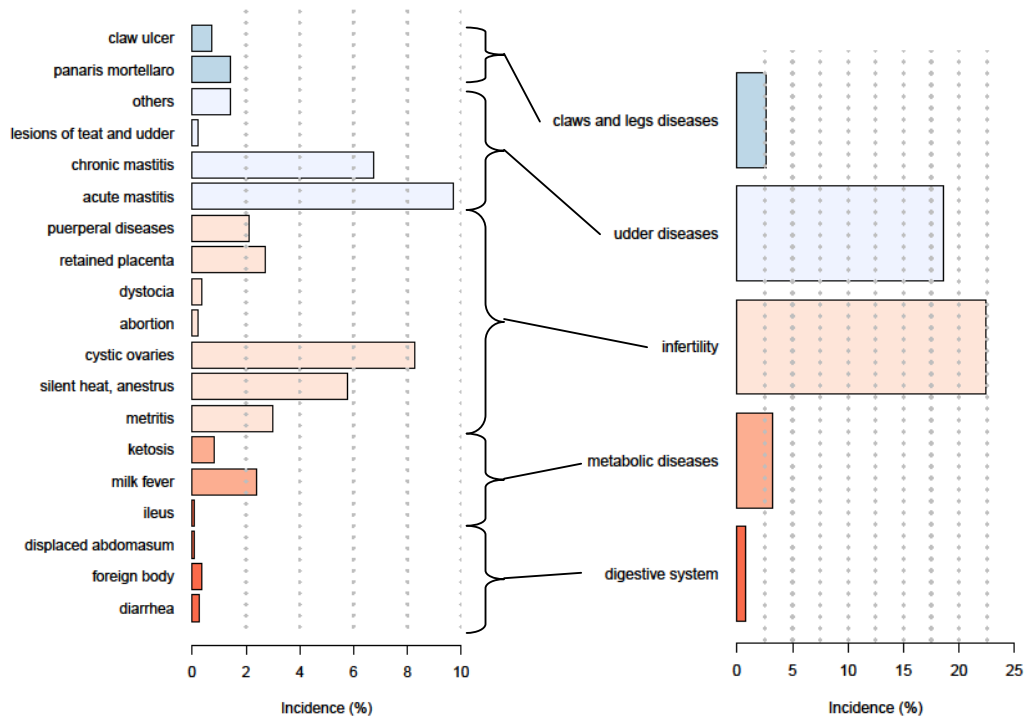


Abbildung 1: Inzidenzen (%) für Einzelerkrankungen (links) und Krankheitskomplexe (rechts) für Daten bei validierten Betrieben der Rasse Fleckvieh im Jahr 2008

Krankheitsinzidenzen sind also wichtig für den Betriebsleiter um eine solide Stärken-Schwächen Analyse durch Vergleich mit historischen Betriebsdaten (vertikaler Vergleich) sowie im Vergleich mit anderen Betrieben in vergleichbarer Lage (horizontaler Vergleich) durchführen zu können. Solche Daten dienen aber auch dem Monitoring von Populationen um längerfristig auftretende negative Trends aufdecken zu können, oder als Frühwarnsystem z.B. beim Auftreten von Erbfehlern.

In Abbildung 1 sind die Inzidenzen bei Einzelerkrankungen und Krankheitskomplexen bei Fleckviehkühen dargestellt. Besonders häufig treten akute und chronische Mastitiden mit Inzidenzen von 9,7% bzw. 6,7% auf. Ebenfalls auffällig sind hohe Erkrankungsraten von Zysten mit 8,2% und Stillbrunst mit 5,8%. Stoffwechselerkrankungen wie Ketose und Milchfieber treten mit 0,8 und 2,4 % dagegen überraschend selten auf. Bei den Krankheitskomplexen treten Unfruchtbarkeit mit 22,5% und Eutererkrankungen mit 18,6% am häufigsten auf.

Tabelle 1: Anteil Kühe mit mind. einer Diagnose in den skandinavischen Rinderpopulationen

Rasse	Merkmal	Zeitraum	Frequenz	Quelle
Dänische Rote Dänische Holstein Dänische Jersey	Eutererkrankungen	-10 bis 100 Tage (1. Laktation)	22 % 21% 24 %	Nielsen et al. (2000)
	Fruchtbarkeitsstörungen		12 % 10 % 3 %	
	Verdauungs- und Stoffwechselstörungen		3 % 3 % 2 %	
	Klauen- und Gliedmaßenkrankungen		6 % 6 % 4 %	
Norwegische Rote	Klinische Mastitis	-15 bis 120 Tage (1., 2., 3. Laktation)	15,8 % 19,8 % 24,2 %	Heringstad et al. (2005)
	Gebärparese	-15 bis 30 Tage (1., 2., 3. Laktation)	0,1 % 1,9 % 7,9 %	
	Ketose	-15 bis 120 Tage (1., 2., 3. Laktation)	7,5 % 13,0 % 17,2 %	
	Nachgeburtsverhaltung	0 bis 5 Tage (1., 2., 3. Laktation)	2,6 % 3,4 % 4,3 %	
Schwedische Holstein	Klinische Mastitis	-10 bis 150 Tage (1., 2., 3. Laktation)	10,4 % 12,1 % 14,9 %	Carlén et al. (2004)
Finnische Ayrshire	Klinische Mastitis	-7 bis 150 Tage (1., 2., 3. Laktation)	9,0 % 10,6 % 13,5 %	Negussie et al. (2006)

Die in der Tabelle 1 dargestellten Erkrankungsdaten bei verschiedenen skandinavischen Populationen zeigen eine große Variationsbreite an. Die ist durch Populations- und Rassenunterschiede, die Art der Erhebung und die Definition des Beobachtungszeitraums erklärbar. Im Gegensatz zu Abbildung 1 bezieht sich diese Auswertung auf Einzeltiere. Bei der Berechnung der Inzidenz wird jede Neuerkrankung (Erstdiagnose) herangezogen.

In Abbildung 2 sind die Inzidenzraten nicht auf die Gesamtlaktation sondern auf jeweils 30 Tage Intervalle bezogen. Erwartungsgemäß treten die meisten akuten Mastitiden in den ersten 30 Laktationstagen auf. Bei chronischen Mastitiden ist dieser Trend wesentlich schwächer ausgeprägt. Der Beobachtungszeitraum wurde hier auf maximal 250 Laktationstage beschränkt um Verzerrungen bei chronischen Mastitiden durch Trockenstellen unter vorbeugender Anwendung von Antibiotika zu

vermeiden. Ebenfalls den Erwartungen entsprechend sind Milchfieber- und Ketosediagnosen fast ausschließlich auf die ersten 30 Tage der Laktation beschränkt. Bei den Fruchtbarkeitsstörungen Gebärmutterentzündungen und Puerperalerkrankungen einerseits und Stillbrunst bzw. Eierstockzysten andererseits zeigt sich eine deutliche Zweiteilungen der Erkrankungsspitzen. Erstere treten gehäuft in den ersten 30 Laktationstagen auf, während Stillbrunst und Eierstockzysten zwischen dem 60. und 90. Laktationstag am häufigsten zu beobachten sind. Dementsprechend wurde auch in der Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale eine Zweiteilung der Merkmale zwischen frühen Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten getroffen.

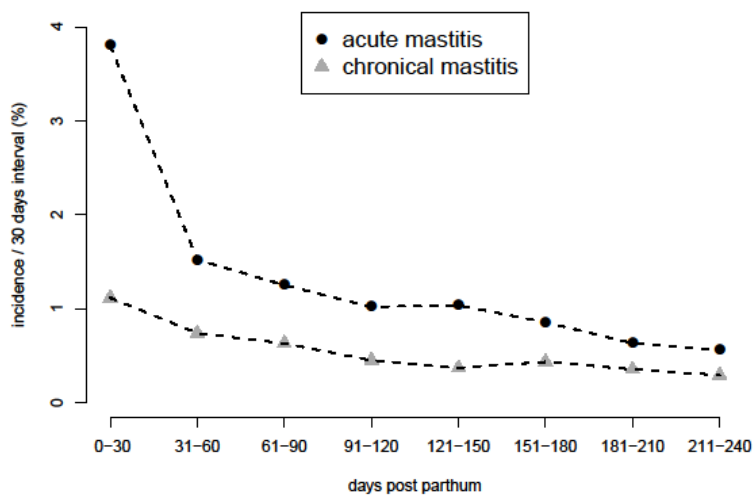


Abbildung 2: Inzidenzen (%) bei akuter und chronischer Mastitis in 30-Tage Intervallen post partum bei validierten Betrieben der Rasse Fleckvieh im Jahr 2008

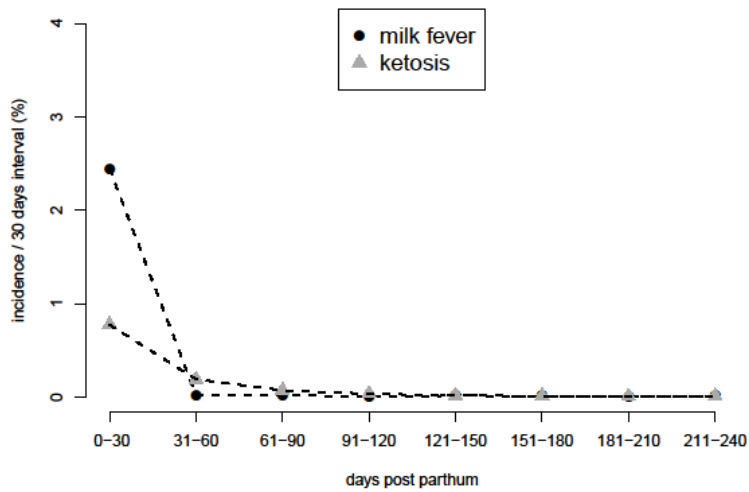


Abbildung 3: Inzidenzen (%) bei Milchfieber und Ketose in 30-Tage Intervallen post partum bei validierten Betrieben der Rasse Fleckvieh im Jahr 2008

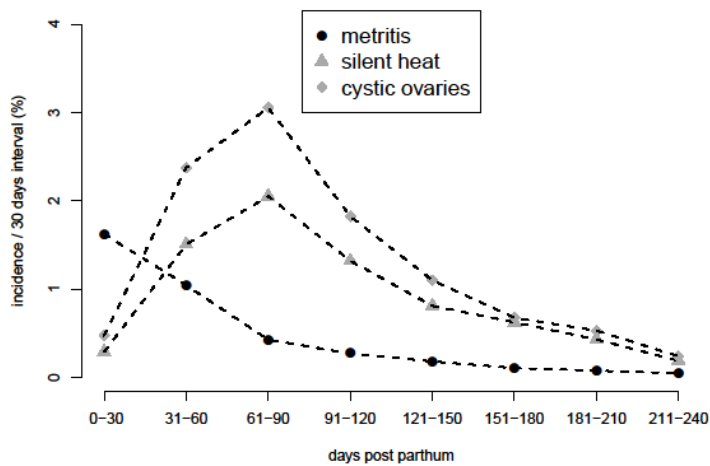


Abbildung 4: Inzidenzen (%) bei Gebärmutterentzündung, Stillbrunst und Eierstockzysten in 30-Tage Intervallen post partum bei validierten Betrieben der Rasse Fleckvieh im Jahr 2008

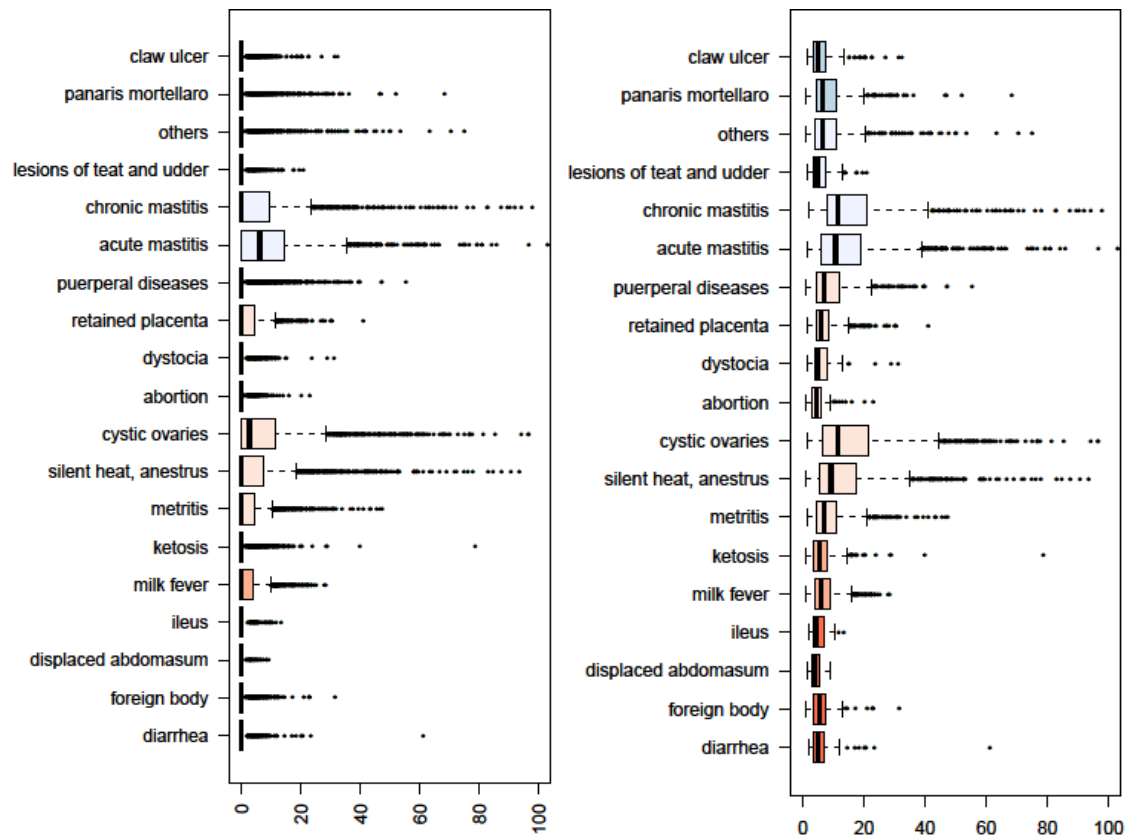


Abbildung 5: Boxplot Darstellung von Betriebsinzidenzen in % bei Einzelerkrankungen bezogen auf alle validierten Betriebe (links) und bezogen auf validierte Betrieben mit zumindest einer Diagnose bei der betrachteten Erkrankung (rechts) bei der Rasse Fleckvieh im Jahr 2008

In Abbildung 5 sind die Erkrankungsraten bei den einzelnen validierten Betrieben dargestellt. Deutlich ist zu erkennen, dass es eine große Variabilität der Erkrankungsraten gibt. Das heißt auch bei grundsätzlich häufig auftretenden Erkrankungen wie Fruchtbarkeitsstörungen und Mastitis gibt es Betriebe, die durch gutes Management sehr niedrige Diagnoseraten aufweisen.

Zusammenfassend muss erwähnt werden, dass epidemiologische Daten zu Gesundheitsmerkmalen wichtige Datengrundlagen für das Monitoring auf Betriebs- und auf Populationsebene sind. Die erhobenen Inzidenzen bei Fleckvieh zeigen, dass vor allem im Bereich Fruchtbarkeit und Eutergesundheit noch erhebliches Verbesserungspotential besteht. Die Gesundheit unserer Rinderbestände zu verbessern ist wichtig sowohl aus wirtschaftlicher, ethischer Sicht und in Hinblick auf eine Imageverbesserung der Tierhaltung beim Konsumenten.

Literatur

- Heringstad, B., Chang, Y.M., Gianola, D., Klemetsdal, G. (2005). Genetic correlations between clinical mastitis, milk fever, ketosis and retained placenta within and between the first three lactations of Norwegian Red (NRF). In: EAAP-Book of Abstracts No 11: 56th Annual Meeting of the EAAP, 3-4.6.2005 Uppsala, Sweden.
- Envoldsen, C. (2010). Epidemiological tools for herd diagnosis. XXVI World Buiatric Congress. Santiago, Chile.
- LeBlanc, J.S., Lissemore, K.D., Kelton, D.F., Duffield, T.F., Leslie, K.E. (2006). Major advances in disease prevention in dairy cattle. *J. Dairy Sci* 89: 1267-1279.
- Osteras, O., Solbu, H., Refsdal, A.O, Roalkvam, T., Filseth, O., Minsaas, A. (2007). Results and evaluation of thirty years of health recordings in the Norwegian dairy cattle population. *J. Dairy Sci.* 90: 4483-4497.
- Kelton, D.F., Lissemore, K.D., Martin, R.E. (1998). Recommendations of recording and calculating the incidence of selected clinical diseases of dairy cattle. *J. Dairy Sci* 81:2502-2509.
- Negussie, E., Koivula, M., Mäntysaari, E.A., Lidauer, M. (2006). Genetic evaluation of somatic cell score in dairy cattle considering first and later lactations as two different but correlated traits. *J Anim Breed Genet.* 23(4):224-38.
- Nielsen, U. S., Aamand, G. P., Mark, T. (2000). National genetic evaluation of udder health and other traits in Denmark. *Interbull Bulletin* 25: 143-150.
- Obritzhauser, W., Egger-Danner, C., Grassauer, B., Holzhaecker, W., Winter, P. (2008). Preliminary results of a general health monitoring system for cattle in Austria. XXV. World Buiatrics Congress, Budapest, Hungaria, July 7th, 2008.
- Schwarzenbacher, H., Obritzhauser, W., Fürst-Waltl, B., Köck, A., Egger-Danner, C. (2010). Health monitoring system in Austrian Dual Purpose Fleckvieh cattle: incidences and prevalences. In: EAAP-Book of Abstracts No 16: 61th Annual Meeting of the EAAP, 23.-27.8.2010, Heraklion, 145.

8 Genetische Parameter beim Fleckvieh

8.1 Genetische Analyse von Durchfall und Atemwegserkrankungen bei Kälbern

Zusammenfassung

Das Ziel dieser Untersuchung war die genetische Analyse von Durchfall und Atemwegserkrankungen bei weiblichen Fleckvieh-Kälbern. Die beiden Merkmale wurden als binäre Merkmale (0/1) definiert, d.h. es wurde überprüft ob das jeweilige Kalb innerhalb der ersten 180 Tage nach der Geburt gesund war („0“) oder vom Tierarzt behandelt wurde („1“). Es standen Daten von 32.523 weiblichen Kälbern von 2.078 Betrieben zur Verfügung. 2,8 % der Kälber hatten innerhalb der ersten 180 Tage nach der Geburt mind. eine tierärztliche Behandlung wegen Durchfall und 3,5 % wegen Atemwegserkrankungen. Mit threshold (Schwellenwert) Vatermodellen wurden Erblichkeiten von 0,027 für Durchfall und 0,039 für Atemwegserkrankungen berechnet.

Genetic Analysis Of Diarrhea And Respiratory Diseases In Austrian Fleckvieh Heifer Calves

B. Fuerst-Waltl^{}, A. Koeck^{*}, C. Fuerst[†], and C. Egger-Danner[†]*

Introduction

A routine registration system is an essential prerequisite for the reduction of disease frequencies by both, management and breeding. However, in Scandinavian countries with a long history of health registration and also in Austria, where health registration just started recently, the main focus is on lactating cows. While support for management (Egger-Danner et al. (2007a)) is also provided for replacement stock, no routine breeding value estimation exists for this group of animals in either country. Continued non-consideration of calthood diseases could however lead to increased disease incidence. Gastrointestinal and respiratory diseases were shown to be among the main health problems during the calves' first months of life (e.g. Gulliksen et al. (2009); Svensson et al. (2003)). In dairy cattle, genetic parameters were only estimated for respiratory diseases in Norwegian Red calves (intra-herd heritability 0.05 on the underlying scale; Heringstad et al. (2008)). The aim of this study thus was the genetic analysis of diarrhea and respiratory diseases in female Austrian Fleckvieh (dual purpose Simmental) calves by means of a Bayesian probit threshold sire model.

Material and methods

Data. All data were provided by ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH being responsible for the Austrian Dairy Herd Recording System. Health data were collected within the Austrian project "Health monitoring in cattle" in which diagnoses from veterinarians are recorded. Only records from herds actively participating in the health-recording system were considered. A detailed description of the health recording system and data validation is given by Egger-Danner et al. (2007b) and Koeck et al. (2010). In total, records from 35,506 Austrian Fleckvieh heifer calves born between January 1, 2007 and April 3, 2009 were provided. The data set was restricted to sires and herd classes with a minimum of 10 and 5 heifer calves, respectively. After edits, the final data set included a total of 32,523 Fleckvieh heifer calves from 2,078 herds. The sire pedigree file had information on 1,187 males, including the 455 sires with heifer calves in the data set. Diarrhea and respiratory diseases were defined as binary traits (1 or 0) based on whether or not the calf had at least one veterinary treatment within the first 180 days of age.

Model. A Bayesian probit threshold sire model using the RJMC routine implemented in the DMU software (Madsen and Jensen (2008)) was used for analyzing the binary disease data.

^{*} University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna, Division of Livestock Sciences, Gregor Mendel-Str. 33, 1180 Vienna, Austria

[†] ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19, 1200 Vienna, Austria

The threshold model postulates an underlying continuous variable, liability (λ). The observed binary response (diarrhea, respiratory diseases) takes a value of 1 if λ exceeds a fixed threshold and 0 otherwise. In matrix notation the model can be described as

$$\lambda = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_h\mathbf{h} + \mathbf{Z}_u\mathbf{u} + \mathbf{e},$$

where λ is the vector of unobserved liabilities to diarrhea and respiratory diseases, $\boldsymbol{\beta}$ is a vector of the systematic effect of year (2007-2009) and season (January-March, April-June...) of birth (10 classes), \mathbf{h} is a vector of herd effects (2,078 levels), \mathbf{u} is the vector of sire transmitting abilities, \mathbf{e} is a vector of residuals, and \mathbf{X} , \mathbf{Z}_h and \mathbf{Z}_u are corresponding incidence matrices. A Bayesian approach using Gibbs sampling was applied. Inference was based on a chain length of 300,000 samples collected after a burn-in of 50,000 iterations.

Results and discussion

Mean frequencies of diarrhea and respiratory diseases were 2.8% and 3.5%, respectively and are thus similar to values reported for both sexes and selected herds in Sweden and Norway (Svensson et al. (2003); Gulliksen et al. (2009)). However, mean frequency of respiratory disease of calves in the Norwegian Cattle Health Recording System was reported to be much lower (0.7%; Heringstad et al. (2008)) suggesting an inferior quality of routinely recorded data. In accordance to Gulliksen et al. (2009), diarrhea mainly first occurred early in life while first occurrence of respiratory diseases was more equally distributed (Figure 1).

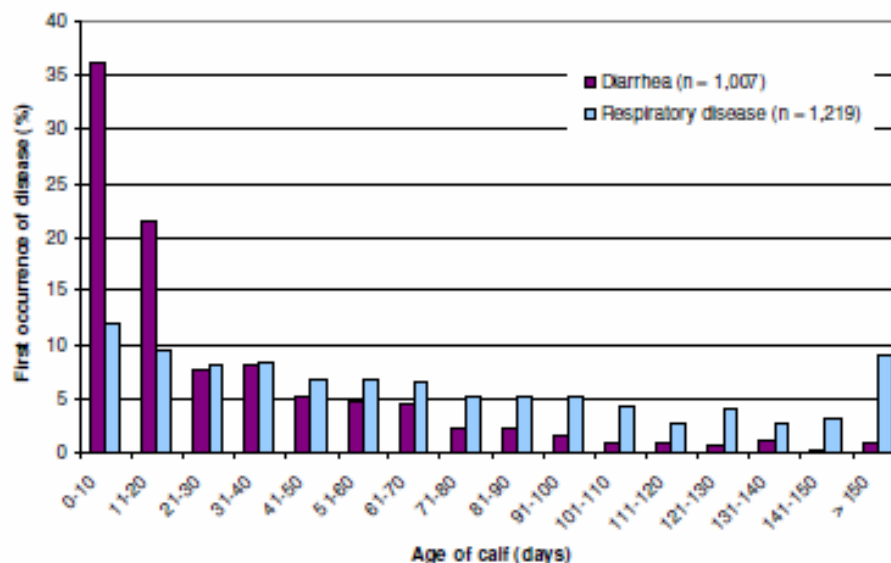


Figure 1: Age distribution for first occurrence of diarrhea (n = 1,007) and respiratory diseases (n = 1,219) in 35,506 calves until 180 days of age

The results from the Bayesian probit threshold model are given in Table 1, where mean and SD of the posterior distributions of variance components and heritability of liability to diarrhea and respiratory diseases are shown. The posterior means (SD) of heritability of liability to diarrhea and respiratory diseases were 0.027 (0.015) and 0.039 (0.017). The intra-herd heritability for respiratory diseases is in accordance with the value of 0.05 reported for Norwegian Red calves (Heringstad et al. (2008)). Applying a logit threshold sire model, a lower heritability (<0.01) was found for digestive diseases in Danish Holstein heifers before first calving (Fuerst-Waltl and Sørensen (2009)). As illustrated by Figure 2, both distributions of the heritabilities of liability to diarrhea and respiratory diseases were reasonably sharp but showed long tails to the right. As suggested by Heringstad et al. (2008), low frequencies of both diseases and consequently rather low phenotypic variability resulting in imprecise inference about genetic parameters may have caused the latter finding.

Table 1: Means and standard deviations (SD) of the posterior distributions of sire and herd variance and of heritability of liability to diarrhea and respiratory diseases

	Diarrhea		Respiratory diseases	
	Mean	SD	Mean	SD
Sire variance	0.010	0.006	0.015	0.007
Herd variance	0.490	0.048	0.498	0.045
Heritability ¹	0.027	0.015	0.039	0.017
Heritability, intra-herd ²	0.040	0.022	0.058	0.025

¹Heritability: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + 1)$

²Heritability, intra-herd: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + 1)$

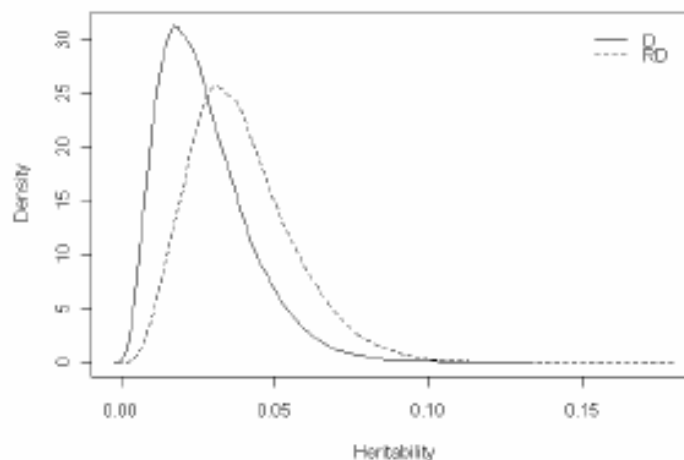


Figure 2: Posterior distributions of heritability [$h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + 1)$] of liability to diarrhea (D) and respiratory diseases (RD)

Conclusion

With regard to calf diseases, ethical issues and the economic impact on cattle breeding should not be neglected. Calf diseases are however not considered in any breeding program so far. In Austrian Fleckvieh, relatively low frequencies of digestive and respiratory diseases are observed. Heritabilities for these traits are rather low, but in the range of other functional traits, for which genetic improvement is achieved. However, in younger calves, where especially diarrhea is a problem, treatments for groups of calves may take place which are not assigned to individual calves and are hence not recorded. Besides, currently ear tag numbers of male calves are not available for veterinarians using herd management programs. Thus, it is possible that actual frequencies of these calfhood diseases are underestimated. As diseases at an early age are likely to be connected with diseases during adulthood (Heringstad et al. (2008)), more effort should be put on improving the calves' health data quality. Monitoring of the population and of extreme bulls might be very useful for breeding organizations to avoid deterioration in these traits.

Acknowledgements

Financial support by the Austrian Science Foundation (FWF; Elise-Richter Program V43-B12), the Austrian Federal Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management (BMLFUW) and the Federation of Austrian Cattle Breeders (ZAR) is gratefully acknowledged.

References

- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Janacek, R. et al. (2007a). In: *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP*, page 205.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhacker, W. et al. (2007b). In: *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP*, page 363.
- Fuerst-Waltl, B., and Sørensen, M.K. (2009). In: *Book of Abstracts of the 60th Annual Meeting of the EAAP*, page 243.
- Gulliksen, S.M., Lie, K.I., and Østerås, O. (2009). *J. Dairy Sci.*, 92:1660-1669.
- Heringstad, B., Chang, Y.M., Gianola, D. et al. (2008). *J. Dairy Sci.*, 91:367-370.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C. et al. (2010). *J. Dairy Sci.*, (accepted).
- Madsen, P., Jensen, J. (2008). A User's Guide to DMU. Version 6, release 4.7. Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele, Denmark.
- Svensson, C., Lundborg, K., Emanuelson, U., et al. (2003). *Prev. Vet. Med.*, 58:179-197.

8.2 Phänotypische und genetische Beziehungen zwischen Mastitis und Euter-Exterieurmerkmalen

Zusammenfassung

Das Ziel dieser Studie war es phänotypische und genetische Beziehungen zwischen Mastitis und Euter-Exterieurmerkmalen zu berechnen. Mastitis wurde als binäres Merkmal (0/1) definiert, d.h. es wurde überprüft ob die jeweilige Kuh innerhalb von 10 Tagen vor bis 50 Tage nach der Abkalbung gesund war („0“) oder vom Tierarzt behandelt wurde („1“). Nur Exterieurdaten von erstlaktierenden Kühen von Betrieben die aktiv am Gesundheitsmonitoring teilnehmen wurden berücksichtigt. Insgesamt waren Daten von 5.426 Kühen, die zwischen 2007 und 2009 abkalbten, verfügbar. Die genetischen Korrelationen weisen darauf hin, dass Kühe mit einem hohen Euterboden, einer festeren Vordereuteraufhängung und leicht nach innen gerichteten Strichen weniger Mastitisbehandlungen aufweisen.

Phenotypic And Genetic Relationships Between Clinical Mastitis And Udder Conformation Traits In Austrian Fleckvieh Cattle

C. Fuerst^{*}, *C. Egger-Danner*^{*}, *A. Koeck*[†], and *B. Fuerst-Waltl*[†]

Introduction

Breeding for mastitis resistance is becoming increasingly important, because of its effect on farm economy and animal welfare and also because consumer demands for healthy and naturally produced products increase. Most countries performing genetic evaluations for mastitis resistance lack records of clinical mastitis (CM) as disease recording systems are not well developed. Thus, most commonly SCC is used as an indirect measure. In Austria, genetic evaluations for udder health are based on SCC and have been carried out since 1998. SCC is included in the total merit index, currently with a relative weight of 9.7% for Fleckvieh cattle (Fuerst et al. (2010)). In a review, Mrode and Swanson (1996) reported that the average estimated genetic correlation between CM and SCC based on literature values was approximately 0.7. Until now genetic evaluations of CM are carried out only in the Nordic countries, where health traits are routinely and widely recorded for more than 30 years. Studies on the relationship between mastitis and conformation traits are limited (e.g. Rupp and Boichard (1999)). Results of these studies and others, investigating the relationship between conformation and SCC, suggest that clinical mastitis incidences can be reduced by selection for certain udder conformation traits.

In 2006, a project to establish a nation-wide health monitoring system for cattle started in Austria (Egger-Danner et al. (2007)). Udder conformation traits are on average recorded for 40-60 daughters of each Fleckvieh test bull. Thus, the objectives of this study were to calculate phenotypic and genetic associations of CM with udder conformation traits in Austrian Fleckvieh (dual purpose Simmental) cows.

Material and methods

Data. CM data were collected within the Austrian project "Health monitoring in cattle" in which diagnoses from veterinarians are recorded. A detailed description of the health recording system and data validation is given by Egger-Danner et al. (2007) and Koeck et al. (2010). CM was defined as a binary trait (0 or 1) within the interval from -10 to 50 d after calving. All cows culled due to udder problems within the investigated time period were considered as diseased even if they did not have a record of veterinary CM treatment. Cows culled because of other reasons were included as healthy if they had no CM treatment.

^{*} ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19, A-1200 Vienna, Austria.

[†] University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna, Division of Livestock Sciences, Gregor Mendel-Str. 33, A-1180 Vienna, Austria.

Udder conformation data were taken from the routine conformation recording system. Only conformation data from first parity cows from herds actively participating in the health recording system were considered. Age at first calving was restricted to 19 and 43 months. In total, records from 5,426 Austrian Fleckvieh (dual purpose Simmental) cows calving between 2007 and 2009 were available. The pedigree file had information on 52,358 animals.

Model. Phenotypic relationships between the traits were calculated using the MIXED procedure (SAS (1990)). The variance components were estimated from a linear animal model using the program VCE6 (Kovac and Groeneveld (2007)). In total, 11 bivariate analyses were carried out with CM and one of the udder conformation traits each.

The model for CM was as follows:

$$Y_{ijklmn} = \mu + \text{Year}_i * \text{Season}_j + \text{Age}_k + \text{Herd}_l + \text{Animal}_m + E_{ijklmn}$$

Where: Y_{ijklmn} = observation of CM between -10 and 50 days after calving (0 or 1)

μ = overall mean

$\text{Year}_i * \text{Season}_j$ = fixed effect of interaction between calving year (2007-2009) and season (4)

Age_k = fixed effect of calving age (5 classes)

Herd_l = random herd effect

Animal_m = random genetic effect of recorded animal (cow)

E_{ijklmn} = random error effect

The following model was applied for udder conformation traits:

$$Y_{ijklmno} = \mu + \text{Classifier}_i * \text{Year}_j + \text{Age}_k + \text{Time}_l + \text{Herd}_m + \text{Animal}_n + E_{ijklmno}$$

Where: $Y_{ijklmno}$ = observation of udder conformation trait (11 traits)

μ = overall mean

$\text{Classifier}_i * \text{Year}_j$ = fixed effect of interaction between classifier and year (98)

Age_k = fixed effect of calving age (5 classes)

Time_l = covariate of time after last milking in hours

Herd_m = random herd effect

Animal_n = random genetic effect of recorded animal (cow)

$E_{ijklmno}$ = random error effect

Results and discussion

Phenotypic relationships. Average incidence of CM (-10 to 50 days after calving) was 4.0% over all cows in the data set. Linear and quadratic regressions of CM on each udder conformation trait were analyzed. All quadratic regression coefficients except for teat thickness ($P < 0.05$) were above significance level. Linear regression coefficients were significant to highly significant for fore and rear teat placement ($P < 0.05$), fore udder attachment ($P < 0.01$), udder score, suspensory ligament and udder depth ($P < 0.001$). As an example the relationship between overall udder score and CM is shown in Figure 1. Higher udder scores are related with fewer CM diagnoses. Figure 2 shows the relationship of udder thickness with CM. An average thickness of the teats (score 5=2.5 cm) leads to the lowest number of CM cases. Too thin and too thick teats result in clearly more udder health problems. Very thin teats are related to a lower milking speed which leads to a longer

milking time resulting in a higher mechanical stress during the milking process. On the other hand thicker teats might lead to an easier entry of pathogens.

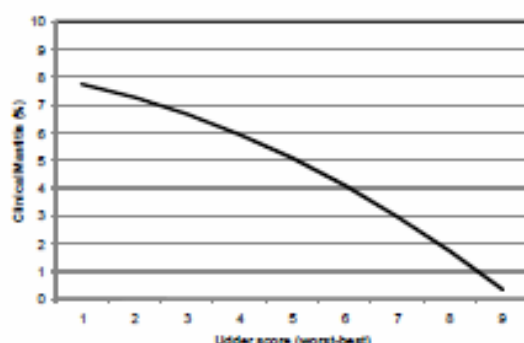


Figure 1: Phenotypic relationship between overall udder score and CM.

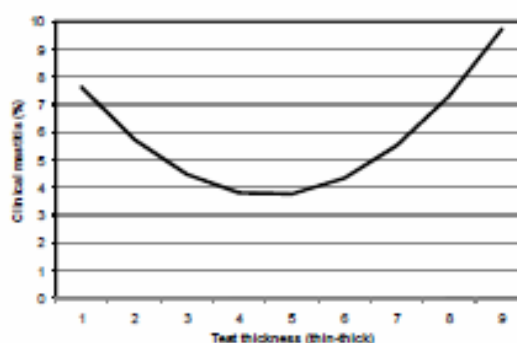


Figure 2: Phenotypic relationship between teat thickness and CM.

Genetic correlations. Genetic correlations between all estimated pairs of traits are presented in Table 1. Interpretation of (linear) genetic correlations is rather difficult when the true relationship is obviously nonlinear. From phenotypic analyses this is particularly the case for teat thickness (see Figure 2).

Table 1: Genetic correlations (r_g , SE in parenthesis) between CM and udder conformation traits and corresponding heritabilities for each bivariate run.

Trait	r_g (SE)	h^2 CM ^a	h^2 conform. ^b
Udder score (worst-best)	-0.42 (0.29)	0.021	0.307
Fore udder length (short-long)	-0.30 (0.24)	0.022	0.210
Rear udder length (short-long)	0.51 (0.34)	0.014	0.294
Fore udder attachment (loose-strong)	-0.65 (0.28)	0.022	0.181
Suspensory ligament (weak-strong)	-0.02 (0.05)	0.020	0.229
Udder depth (deep-high)	-0.45 (0.25)	0.022	0.257
Teat length (short-long)	-0.01 (0.24)	0.020	0.382
Teat thickness (thin-thick)	-0.05 (0.26)	0.020	0.366
Fore teat placement (outwards-inwards)	-0.07 (0.24)	0.019	0.345
Rear teat placement (outwards-inwards)	-0.45 (0.27)	0.023	0.331
Additional teats (less-more)	-0.19 (0.26)	0.020	0.212

^a SE for h^2 CM was 0.02 in all cases

^b SE for h^2 of conformation traits varied between 0.03 and 0.04

Genetic correlation between overall udder score and CM is markedly negative (-0.42), indicating that classifiers give the highest scores for functional, 'healthy' udders. Somehow surprising is the result that CM is negatively related to a longer fore udder (-0.30) but positively with a longer rear udder (0.51). The positive relationship with rear udder length might be due to the relationship with milk production. Longer fore udders are also related with a higher milk yield on the one hand but on the other hand correlated with a stronger attachment which shows a significantly negative correlation (-0.65) with CM. Although

phenotypic analyses show that a stronger suspensory ligament leads to fewer CM diagnoses, the genetic correlation is not significant. In accordance to Rupp and Boichard (1999), fore udder attachment and udder depth are among the most important conformation traits with regard to udder health (-0.65 and -0.45, respectively).

Genetic correlations of CM with teat length and thickness show no significant correlation, but phenotypic analyses indicate that there is an intermediate optimum for teat length and thickness. Slightly inwards placed teats also lead to fewer CM cases.

Results suggest that cows with higher udders that are more tightly attached and have slightly inwards placed teats have less mastitis treatments. Similar associations of udder conformation traits were shown in earlier studies for CM traits (Rogers et al. (1998); Sorensen et al. (2000)). Similar genetic correlations of these conformation traits were also reported for longevity (Fuerst and Fuerst-Waltl (2006)).

Conclusion

Based on the findings it is feasible that conformation traits are included in a future udder health index. Fore udder attachment, udder depth and rear teat placement could be considered as auxiliary traits in order to select for mastitis resistance. However, analyses should be repeated as soon as more data are available.

Acknowledgements

This work was financed by the Federal Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management (BMLFUW) of Austria and the Federation of Austrian Cattle Breeders (ZAR). Birgit Fuerst-Waltl was supported by the Austrian Science Foundation (FWF; Elise-Richter Program V43-B12).

References

- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhaecker, W. *et al.* (2007). In: *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP*, page 363.
- Fuerst, C., Dodenhoff, J., Emmerling, R., *et al.* (2010). <http://www.zar.at/download/ZWS/ZWS.pdf>.
- Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2006). *Züchtungskunde* 78:365-383.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C. *et al.* (2010). *J. Dairy Sci.* (accepted).
- Kovac, M., Groeneveld, E. (2007). *VCE6, User's guide and reference manual*, V. 6.1.
- Mrode, R. A., and Swanson, G. J. T. (1996). *Anim. Breed. Abstr.* 64:847-857.
- Rogers, G. W., Banos, G., Nielsen, U.S. *et al.* (1998). *J. Dairy Sci.* 81:1445-1453.
- Rupp, R., and Boichard, D. (1999). *J. Dairy Sci.* 82:2198-2204.
- SAS (1990). SAS Inst. Inc., Cary, NC. *User's Guide*.
- Sorensen, M. K., Jensen, J. and Christensen, L.G. (2000). *Acta Agric. Scand. A Anim. Sci.* 50:72-82.

8.3 Genetische Analyse von Fruchtbarkeitsstörungen und deren Beziehung zu Fruchtbarkeit und Milchleistung

Zusammenfassung

Das Ziel dieser Studie war es genetische Parameter für verschiedene Fruchtbarkeitsstörungen basierend auf den Tierarzt Diagnosen aus dem Projekt „Gesundheitsmonitoring Rind“ für Fleckvieh zu ermitteln. Die Gesundheitsmerkmale die analysiert wurden waren: Nachgeburtshaltung (RP), puerperale Erkrankungen (PUERP), Gebärmutterentzündung (MET), Stillbrunst und Anöstrus (ESTRUS) und Zysten (CYST). Neben den genannten Einzelmerkmalen wurden drei zusammengefasste Merkmale analysiert: früh auftretende Fruchtbarkeitsstörungen (EREPRO), spät auftretende Fruchtbarkeitsstörungen (LREPRO) und Fruchtbarkeitstörungen (REPRO).

Die Merkmale wurden als binäre Merkmale (0/1) definiert, d.h. es wurde überprüft ob die jeweilige Kuh im vorher festgelegten Zeitraum gesund war („0“) oder vom Tierarzt behandelt wurde („1“). Folgende Zeiträume wurden für die einzelnen Merkmale herangezogen:

- RP: 0 - 7 Tage nach der Abkalbung
- PUERP: 0 - 30 Tage nach der Abkalbung
- MET: 0 - 150 Tage nach der Abkalbung
- ESTRUS: 0 - 150 Tage nach der Abkalbung
- CYST: 0 - 150 Tage nach der Abkalbung
- EREPRO: Alle Fruchtbarkeitsstörungen 0 - 30 Tage nach der Abk.
- LREPRO: Alle Fruchtbarkeitsstörungen 31 - 150 Tage nach der Abk.
- REPRO: Alle Fruchtbarkeitsstörungen 0 - 150 Tage nach der Abk.

Die Frequenzen dieser Gesundheitsmerkmale über die ersten 5 Laktationen waren 2,6% für RP, 2,5% für PUERP, 3,8% für MET, 6,3% für ESTRUS, 9,6% für CYST, 7,2% für EREPRO, 14,3% für LREPRO und 19,2% für REPRO.

Mit threshold (Schwellenwert) Vaternmodellen wurden Erbliehkeiten im Bereich von 0,01 bis 0,14 ermittelt, während mit linearen Modellen niedrigere Erbliehkeiten im

Bereich von 0,005 bis 0,04 berechnet wurden. Obwohl das threshold Modell dem linearen Modell zumindest theoretisch überlegen ist, ist die Rangierung der Stiere unter beiden Modellen gleich (Zuchtwertkorrelationen über 0,99).

Genetische Korrelationen zwischen Gesundheitsmerkmalen, Fruchtbarkeit (Rastzeit, Non-Return-Rate 56, Verzögerungszeit) und Milchleistung (Mittelwert der ersten beiden Testtagsergebnisse) wurden mit bivariaten linearen Tiermodellen geschätzt.

Die genetischen Korrelationen zwischen den Einzelmerkmalen (RP, PUERP, MET, ESTRUS und CYST) waren positiv. Die stärksten positiven genetischen Zusammenhänge wurden zwischen RP, PUERP und MET ($r_g = 1$) und zwischen ESTRUS und CYST ($r_g = 0,85$) geschätzt. Geringe bis moderate genetische Korrelationen wurden zwischen den anderen Einzelmerkmalen geschätzt ($r_g = -0,01$ bis 0,68).

Genetische Korrelationen zwischen Gesundheitsmerkmalen (EREPRO, LREPRO, REPRO) und den verschiedenen Fruchtbarkeitsmerkmalen waren positiv, während wie erwartet antagonistische Beziehungen zur Milchleistung festgestellt wurden.

Aufgrund der eher niedrigen Frequenzen der Gesundheitsmerkmale werden für die Routinezuchtwertschätzung zusammengefasste Merkmale empfohlen. Eine allgemeinere Merkmalsdefinition führt zu höheren Frequenzen und damit zu genauer geschätzten Zuchtwerten.



Genetic analysis of reproductive disorders and their relationship to fertility and milk yield in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows

A. Koeck,^{*1} C. Egger-Danner,[†] C. Fuerst,[†] W. Obritzhauser,[‡] and B. Fuerst-Waltl^{*}

^{*}Division of Livestock Sciences, Department of Sustainable Agricultural Systems, University of Natural Resources and Applied Life Sciences, Gregor-Mendel-Str. 33, 1180 Vienna, Austria

[†]ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19, 1200 Vienna, Austria

[‡]Chamber of Veterinaries, Biberstr. 22, 1010 Vienna, Austria

ABSTRACT

The objective of this study was to estimate genetic parameters for various reproductive disorders based on veterinary diagnoses for Austrian Fleckvieh (Simmental) dual-purpose cattle. The health traits analyzed included retained placenta, puerperal diseases, metritis, silent heat and anestrus, and cystic ovaries. Three composite traits were also evaluated: early reproductive disorders, late reproductive disorders, and all reproductive disorders. Heritabilities were estimated with logit threshold sire, linear sire, and linear animal models. The threshold model estimates for heritability ranged from 0.01 to 0.14, whereas the linear model estimates were lower, ranging from 0.005 to 0.04. Rank correlations among random effects of sires from linear and threshold sire models were high (>0.99), whereas correlations between any sire model (linear, threshold) and the linear animal model were lower (0.88–0.92). Genetic correlations among reproductive disorders, fertility traits, and milk yield were estimated with bivariate linear animal models. Fertility traits included interval from calving to first insemination, nonreturn rate at 56 d, and interval between first and last insemination. Milk yield was calculated as the mean from test-day 1 and test-day 2 after calving. Estimated genetic correlations were 1 among metritis, retained placenta, and puerperal diseases and 0.85 between silent heat–anestrus and cystic ovaries. Low to moderate correlations (-0.01 to 0.68) were obtained among the other disorders. Genetic correlations between reproductive disorders and fertility traits were favorable, whereas antagonistic relationships were observed between milk yield in early lactation and reproductive disorders. Pearson correlations between estimated breeding values for reproductive disorders and other routinely evaluated traits were computed, which revealed noticeable favorable relationships to longevity, calving ease maternal, and stillbirth maternal.

The results showed that data from the Austrian health monitoring project can be used for genetic selection against reproductive disorders in Fleckvieh cattle.

Key words: reproductive disorder, fertility, linear model, threshold model

INTRODUCTION

Functional traits such as fertility and health traits are becoming increasingly important in selection decisions worldwide because of economic reasons as well as animal welfare concerns and consumer demands for healthy and naturally produced products.

In most dairy cattle populations, the primary selection objective during the past several decades was milk production, whereas fertility and health traits received less attention (Miglior et al., 2005). As a consequence, genetic trends in fertility are negative because of an unfavorable correlated selection response (VanRaden et al., 2004; Liu et al., 2008). A slight decrease in fertility was also observed in Austrian dual-purpose breeds such as Fleckvieh (dual-purpose Simmental; Fuerst and Gredler, 2009). In contrast, genetic fertility trends are constant or even positive for the different Nordic Red breeds, arising from a simultaneous and consequent selection of bulls for production and fertility for more than 30 yr (Fogh et al., 2003; Philipsson and Lindhé, 2003; Andersen-Ranberg et al., 2005).

In Austria, genetic evaluations for fertility based on nonreturn rate at 90 d were carried out from 1995 to 2008; since 2002, genetic evaluations for all traits have been performed jointly with Germany for Fleckvieh cattle (Fuerst and Egger-Danner, 2002). However, female fertility has many components and cannot simply be explained by 1 trait only. Female fertility is represented by different abilities: the ability to show heat or maturity, the ability to conceive and to carry on to term, the ability to resist disorders, and the ability to recycle. Hence, in 2008 a new fertility index was introduced (Fuerst and Gredler, 2009) based on the results of Gredler (2008). Several traits are combined in this index: interval from calving to first insemination

Received July 15, 2009.

Accepted January 19, 2010.

¹Corresponding author: astrid.koeck@boku.ac.at

(CFI), nonreturn rate at 56 d (NR56), and interval from first to last insemination (FLI). The trait CFI describes mainly the ability of a cow to come into estrus and show heat, and NR56 and FLI are measures of the ability of a heifer or cow to conceive after insemination. The latter traits also include losses because of embryonic death. Because the physiological status of heifers is quite different from that of cows, the traits NR56 and FLI are analyzed separately for heifers and cows. The fertility index is included in the total merit index with a relative weight of 6.8% for Fleckvieh cattle (Fuerst and Gredler, 2009).

At present, no direct health traits are included in the total merit index of Austrian Fleckvieh cattle because no recording system of diseases existed until recently. A project to establish a nationwide health monitoring system for cattle was started in Austria in 2006 in which diagnoses from veterinarians are recorded (Egger-Danner et al., 2007). The main project aims are to provide support for herd management and to obtain breeding values for health traits. Health traits are, so far, routinely evaluated only in the Scandinavian countries (Interbull, 2009), where disease recording programs have been carried out on a large scale for more than 30 yr. The routine Scandinavian genetic evaluation of disease traits is based on linear models, which assume normal distribution of the data. Because diseases are treated as binary traits in genetic evaluation, nonlinear threshold models would be, at least theoretically, more appropriate for variance component and breeding value estimation (Gianola and Foulley, 1983).

Based on data from the Austrian health monitoring project, besides mastitis, reproductive disorders are the most frequent disease category in Fleckvieh cattle. Therefore, the objectives of this study were 1) to estimate heritabilities with threshold and linear models for various reproductive disorders; 2) to compare sire rankings for reproductive disorders from genetic evaluations with threshold and linear models; 3) to investigate relationships between reproductive disorders, fertility traits, and milk yield in early lactation (MY); and 4) to assess correlations between reproductive disorders and other traits that are routinely evaluated.

MATERIALS AND METHODS

Data

Health Monitoring. In Austria, under legal obligation, veterinary diagnoses and treatments have to be documented. These documents must be kept for 5 yr by the veterinarians as well as the farmers. However, up until now these data have been neither collected nor stored in a database. Since July 2006, diagnosis data from veterinarians have been recorded in Austria within

the framework of the project called "Health monitoring in cattle" (Egger-Danner et al., 2007). For this purpose, a standardized diagnosis key is used that consists of 10 disease groups (diseases of calves; diseases of the digestive tract; metabolic diseases; infertility and disorders associated with parturition; udder diseases; diseases of the claw and other diseases of the legs; diseases of the respiratory tract; cardiovascular diseases, diseases of the blood and urinary tract; diseases of the central nervous system, skin and infectious diseases; and other diseases) covering 65 different disease codes. The diagnosis data from veterinarians are collected monthly by the milk recording technicians or are sent electronically to the database by the veterinarians. The data are stored within the Austrian central cattle database (Rinderdatenverbund). Recording of health data on farms is currently voluntary.

Data Validation and Editing. A basic prerequisite for an efficient use of health data is a correct data validation. Several measures were applied to ensure adequate reporting within individual herds. Before recording the data in the database, routine plausibility checks were carried out. To distinguish farms with low frequencies of diseases from those with incomplete documentation and recording, at least 1 diagnosis per 10 cows, year, and farm must have been reported. Additionally, continuous recording and reporting by the veterinarians and farmers was a precondition. Furthermore, only data from veterinarians who recorded at least 500 diagnoses during the whole period were considered in this analysis to rule out inconsistent data collection. About 25% of the farms had to be excluded by data editing, assuming unreliable documentation and recording.

At present, about 70% of all cows participating in the Austrian milk recording scheme belong to the Fleckvieh breed (ZAR, 2009), so the analyses were carried out for this breed only. Records of 33,362 Fleckvieh cows with a maximum non-Fleckvieh gene proportion of 25%, calving between January 1, 2007 and November 30, 2008, were used in this study. Only cows from first to fifth lactation with an age at first calving between 19 and 43 mo were included. Records of animals with a calving interval <300 d or >800 d were excluded.

Traits. Reproductive disorders with an incidence far below 1% were not considered in the analyses; these were uterine prolapse (0.10%), abortion (0.19%), injuries incidental to parturition (0.21%), and difficult calving (0.34%). The latter proportion is low because only veterinary-assisted calvings are included, whereas calving ease scores are reported by farmers (Fürst and Fürst-Waltl, 2006). Thus, the following disease traits were analyzed: retained placenta (RP), puerperal diseases (PUERP), metritis (MET), silent heat and anestrus (ESTRUS), and cystic ovaries (CYST).

Table 1. Stage of lactation, measured as days after calving, for first incidence (%) of retained placenta (RP), puerperal diseases (PUERP), metritis (MET), silent heat and anestrus (ESTRUS), and cystic ovaries (CYST) based on cows that completed 300 d after calving

Days from calving	RP (n = 1,038)	PUERP (n = 549)	MET (n = 1,024)	ESTRUS (n = 1,889)	CYST (n = 2,455)
0-7	94.2	83.8	10.2	0.4	0.2
8-14	1.6	4.4	9.0	0.6	0.4
15-30	0.5	4.6	24.6	3.6	4.4
31-60	0.8	1.6	23.8	20.9	25.7
61-90	0.1	2.6	11.8	30.0	28.0
91-120	0.0	0.6	7.2	18.9	18.2
121-150	0.1	0.7	5.1	10.2	9.0
151-180	0.3	0.0	2.4	7.2	6.5
181-210	0.3	0.0	2.5	4.6	3.8
211-240	0.2	0.6	1.5	2.0	2.0
241-270	0.7	0.6	1.4	1.1	1.1
271-300	1.2	0.5	0.5	0.5	0.7

Table 1 shows the distribution of first occurrence of each reproductive disorder according to days after calving. The majority of cases of RP and PUERP occurred within 7 d after calving, whereas treatments of MET were reported mainly during the first 30 d after calving and the breeding period. As expected, most cases of ESTRUS and CYST were treated during the breeding period. Thus, veterinary diagnoses were considered from calving to 7 d after calving for RP, from calving to 30 d after calving for PUERP, and from calving to 150 d after calving for MET, ESTRUS, and CYST. For MET, ESTRUS, and CYST, an additional constraint was introduced. Only cows that completed at least two-thirds of the opportunity period (100 d) were included in the analyses. This should ensure that each cow has a sufficient chance to express the trait. Cases of ESTRUS, CYST, and MET after 150 d were not taken into account to avoid bias caused by culling of cows.

Besides the individual traits, 3 composite traits were also evaluated. Because of the rather low incidences for most diseases, composite traits are more suitable for genetic evaluation than single traits. A more general disease definition leads to higher incidences and possibly to more accurate estimated breeding values. The following composite traits were evaluated. All reproductive disorders that occurred within 150 d after calving were joined into 1 category, reproductive disorders (**REPRO**). The trait early reproductive disorders (**EREPRO**) included all reproductive disorders that were treated within 30 d after calving, whereas the trait late reproductive disorders (**LREPRO**) included all reproductive diseases occurring between 31 and 150 d after calving. The trait EREPRO consisted mainly of diseases that were associated with calving (RP, PUERP, puerperal MET), whereas the trait LREPRO was dominated by hormonal and late infectious diseases (CYST, ESTRUS, MET in late lactation). Absence or presence of each of the reproductive disorders was coded

as 0 or 1 based on whether or not the cow had at least 1 veterinary treatment within a defined time interval.

The fertility traits NR56, CFI, and FLI were calculated from calving and insemination data. Insemination records were used only from cows with CFI values in the range of 20 to 300 d. The interval between calving to last insemination had to be between 20 and 500 d. Records with FLI values longer than 300 d were deleted, as were records with a gestation length shorter than 270 d or longer than 310 d (breed average: 290 d \pm 3 SD). The calculation of NR56 was based on first inseminations and the record was discarded when several inseminations had occurred within a 5-d period (double insemination). If the cow was culled within 56 d after first insemination, the record was excluded. The trait NR56 was scored as 0 if the cow had a second insemination within 56 d after the first insemination and 1 otherwise. The fertility trait FLI was considered only if a subsequent calving was present.

In Austria, milk yield is recorded on a monthly basis. For MY in early lactation, the average of test-days 1 and 2 after calving was calculated and used for genetic analyses.

All data sets were further restricted separately to include only cows from herd-year-season (for reproductive disorders) or herd-year (for fertility traits and MY) classes with at least 3 records. Seasons were January to March, April to June, July to September, and October to December. Additionally, sires were required to have at least 20 daughters. A summary of the analyzed data is given in Table 2.

Pedigree File. A sire pedigree file was generated by tracing the pedigrees of sires and maternal grandsires 5 generations back. A total of 4,878 sires were included in this pedigree file. The animal pedigree file was generated by tracing the pedigrees of cows with data 5 generations back. The resulting pedigree file included the relationship of 183,525 animals.

Table 2. Description of analyzed reproductive disorder, fertility, and production traits

Trait	Description	Days from calving	Records, n	Mean
Reproductive disorder				
RP, %	Retained placenta	0-7	22,355	2.6
PUERP, %	Puerperal diseases	0-30	20,986	2.5
MET, ¹ %	Metritis	0-150	13,958	3.8
ESTRUS, ¹ %	Silent heat and anestrus	0-150	13,958	6.3
CYST, ¹ %	Cystic ovaries	0-150	13,958	9.6
EREPRO, %	Early reproductive disorders	0-30	20,986	7.2
LREPRO, %	Late reproductive disorders	31-150	14,958	14.3
REPRO, %	Reproductive disorders	0-150	15,616	19.2
Fertility trait				
CFI, d	Interval from calving to first insemination		24,725	69.7
NR56, %	Nonreturn rate at 56 d		20,578	66.4
FLI, d	Interval from first to last insemination		11,262	23.4
Production trait				
MY, ² kg	Milk yield, early lactation		22,649	28.5

¹Information of cows that completed at least two-thirds of the opportunity period (100 d) was considered in the data.

²Average of test-day 1 and 2 after calving.

Statistical Models

Univariate Threshold Model. The reproductive disorders RP, PUERP, MET, ESTRUS, CYST, EREPRO, LREPRO, and REPRO were analyzed using a threshold model (Wright, 1934; Gianola, 1982; Gianola and Foulley, 1983) that accounted for the binary (0, 1) nature of the data. The software package ASREML (Gilmour et al., 2006), the working algorithm of which is based on generalized linear mixed models, was used for threshold model analyses. Generalized linear mixed models are based on finding a relationship (link function) between the expected value of a random variable and a linear function of explanatory variables (Tempelman, 1998; Kachman, 2000). Variance components were estimated by applying the binomial distribution with a logit link function. In matrix notation, the threshold model was as follows:

$$\lambda = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}_h\mathbf{h} + \mathbf{Z}_s\mathbf{s} + \mathbf{W}\mathbf{p} + \mathbf{e},$$

where λ is a vector of unobserved liabilities to RP, PUERP, MET, ESTRUS, CYST, EREPRO, LREPRO, and REPRO; β is a vector of systematic effects, including fixed effect of parity; \mathbf{h} is a vector of random herd-year-season of calving effects; \mathbf{s} is a vector of sire effects; \mathbf{p} is a vector of permanent environmental effects of the cow; \mathbf{e} is a vector of residuals; and \mathbf{X} , \mathbf{Z}_h , \mathbf{Z}_s , and \mathbf{W} are the corresponding incidence matrices.

Because the average herd size in Austria is quite small (~16 cows per herd; ZAR, 2009), herd-year-season effects were treated as random to minimize loss of information. Additionally, the well-known extreme category problems (i.e., all observations in individual subclasses are either 0 or 1) of the threshold model that occur especially in traits with low incidences are allevi-

ated by using random effects (Sorenson and Gianola, 2002). The threshold model analyses were based on a sire model because the generalized linear mixed model methodology for binary threshold traits is not reliable under an animal model (Gilmour et al., 2006).

Heritabilities were calculated using the variance of the logit link function. This requires a correction of the residual variance by the factor $\pi^2/3$. Thus, heritability was calculated as follows:

$$h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + \sigma_p^2 + \pi^2/3}$$

Univariate Linear Model. For comparison, reproductive disorders (RP, PUERP, MET, ESTRUS, CYST, EREPRO, LREPRO, and REPRO) were analyzed with linear sire and linear animal models. To obtain REML estimates of the variance components, the VCE6 package was used (Groeneveld et al., 2008). The fixed and random effects for these traits were as described above.

Bivariate Linear Model. Genetic correlations were calculated with bivariate linear animal models. Genetic correlations were calculated 1) between single traits (RP, PUERP, MET, ESTRUS, and CYST), and 2) between composite traits (EREPRO, LREPRO, REPRO), fertility (NR56, CFI, FLI), and MY in early lactation. Linear animal models were applied because the number of observations was low and animal models use information from all known relationships. Besides, genetic correlations are reported to be correct for binary traits using linear models (Heringstad et al., 2005; Negussie et al., 2008). The model used for reproductive disorders was as given above. For NR56, CFI, FLI, and MY, the following model was applied:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_h\mathbf{h} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{p} + \mathbf{e},$$

where \mathbf{y} is a vector of observations for NR56, CFI, FLI, and MY; $\boldsymbol{\beta}$ is a vector of systematic effects, including fixed effects of age at calving–parity interaction for all traits, year-month of insemination for NR56, and year-month of calving for CFI, FLI, and MY; \mathbf{h} is a vector of random herd-year of insemination effects for NR56 and herd-year of calving effects for CFI, FLI, and MY; \mathbf{a} is a vector of animal effects; \mathbf{p} is a vector of permanent environmental effects of the cow; \mathbf{e} is a vector of residuals; and \mathbf{X} , \mathbf{Z}_h , \mathbf{Z}_a , and \mathbf{W} are the corresponding incidence matrices.

Calving age classes were formed for each of the first 2 parities. Age at first calving had 14 classes in which <25 mo was the first class, ≥37 mo was the last class, and other classes were single months. Age at second calving was grouped into 15 classes in which <37 mo was the first class, ≥50 mo was the last class, and other classes were single months. For older cows, age-parity classes were parity 3, 4, and 5.

Service sire was not considered in the model for NR56. In Austrian dual-purpose Fleckvieh cattle, Gredler (2008) found that service sires accounted for only a very small fraction (0.2–0.4%) of the phenotypic variation.

Genetic Evaluations

Breeding values for the composite traits EREPRO, LREPRO, and REPRO based on linear animal models were estimated by using the software package PEST (Groeneveld, 2006). The resulting genetic solutions were reversed in sign. Thus, higher breeding values indicate genetically favorable sires with fewer diseased daughters. In accordance to the Austrian routine breeding value estimation, EBV were standardized to relative breeding values with a mean of 100 and a genetic standard deviation of 12 points. Pearson correlations between breeding values of sires with at least 50 daughters for EREPRO, LREPRO, and REPRO with other traits that are routinely evaluated were computed.

RESULTS AND DISCUSSION

Descriptive Statistics

Phenotypic values for the analyzed traits are shown in Table 2. The incidences of RP, PUERP, MET, ESTRUS, CYST, EREPRO, LREPRO, and REPRO within the defined time periods were 2.6, 2.5, 3.8, 6.3, 9.6, 7.2, 14.3, and 19.2%, respectively, across the first 5 lactations of Austrian Fleckvieh cows. The average for NR56 was 66.4%. Mean values for CFI and FLI

were 69.7 and 23.4 d, respectively. Because the mean value for FLI was lower than in earlier studies (Gredler, 2008), the results involving FLI should be interpreted with caution. The average milk yield from test-days 1 and 2 after calving was 28.5 kg.

Heritabilities

Estimates of heritability from logit threshold model analyses are given in Table 3. Heritabilities were 0.06, 0.14, 0.06, 0.01, and 0.08 for RP, PUERP, MET, ESTRUS, and CYST, respectively. For the composite traits EREPRO, LREPRO, and REPRO, heritabilities of 0.08, 0.05, and 0.05, respectively, were estimated. The heritability estimates of composite traits were slightly lower than the estimates of single traits. There is a loss of information about genetic variation when single traits are pooled into composite traits. However, standard errors were lower for composite than for single traits. The results are generally in agreement with other studies, despite slightly different trait definitions and models. Wassmuth et al. (2000) found heritability estimates of RP transformed to the underlying liability scale of 0.03, 0.09, and 0.10 for Danish Jersey, Danish Holstein, and Danish Red, respectively. Other estimates of heritability of RP from threshold models range from 0.06 to 0.09 (Heringstad, 2009a; Heringstad et al., 2009b). For PUERP, no heritability estimates were available in the literature. Pösö and Mäntysaari (1996) found heritability estimates transformed to the liability scale ranging from 0.02 to 0.05 for ovulatory disorders and 0.04 to 0.05 for metritis. Zwald et al. (2004a) obtained heritabilities of 0.07 and 0.05 for MET and CYST, respectively, from threshold model analyses that included all available lactation records. Considering only first-lactation cows, they found slightly higher heritabilities. In first-lactation Norwegian Red cattle, Heringstad (2009a) reported heritabilities of 0.03 and 0.07 for MET and CYST, respectively. For ESTRUS, Heringstad (2009a) obtained a heritability of 0.06, which is higher than our estimate.

As expected, the heritability estimates from the linear model analyses were lower and ranged from 0.005 to 0.04 (Table 3). However, the results from linear and logit threshold models cannot be compared directly because the estimates are on a different scale. The estimates of logit threshold models are expressed on the underlying logistic scale, whereas the estimates of linear models are on the observable scale. Overall, the heritability estimates from the linear model analyses were in the range of previous studies (Pösö and Mäntysaari, 1996; Van Dorp et al., 1998; Wassmuth et al., 2000; Dechow et al., 2004).

Table 3. Estimated heritabilities for retained placenta (RP), puerperal diseases (PUERP), metritis (MET), silent heat and anestrus (ESTRUS), cystic ovaries (CYST), early reproductive disorders (EREPRO), late reproductive disorders (LREPRO), and reproductive disorders (REPRO) based on logit threshold sire models (TSM), linear sire models (LSM), and linear animal models (LAM)¹

Trait	TSM	LSM	LAM
Single trait			
RP	0.060 (0.037)	0.006 (0.004)	0.007 (0.004)
PUERP	0.143 (0.054)	0.017 (0.006)	0.019 (0.005)
MET	0.062 (0.036)	0.012 (0.006)	0.009 (0.004)
ESTRUS	0.012 (0.015)	0.005 (0.004)	0.006 (0.004)
CYST	0.077 (0.027)	0.031 (0.010)	0.040 (0.009)
Composite trait			
EREPRO	0.079 (0.025)	0.021 (0.007)	0.023 (0.006)
LREPRO	0.048 (0.018)	0.026 (0.009)	0.035 (0.009)
REPRO	0.050 (0.016)	0.031 (0.009)	0.039 (0.010)

¹Standard errors for the estimates are shown in parentheses.

Threshold and Linear Models

An important question is to what extent the ranking of sires for various reproductive disorders agrees across models. For this purpose, rank correlations between random effects of sires with progeny in the data set from logit threshold sire, linear sire, and linear animal models were compared (Table 4). The correlations between random effects of sires obtained with linear sire and threshold sire models were >0.99, whereas correlations between any sire model (linear, threshold) and the animal model were lower ($r = 0.88$ – 0.92) for all traits. The effects associated with applying an animal model instead of a sire model were more important than the differences resulting from the different methodology (linear or threshold model). The study from Boettcher et al. (1999) showed that the EBV of sires from linear sire and threshold sire models were highly correlated ($r = 0.98$), whereas the correlations between animal models and linear sire or threshold sire models were 0.87 and 0.86, respectively. Furthermore, Vazquez et al. (2009) carried out a cross validation to assess the predictive ability of logit sire and linear sire models for mastitis. The correlations between the expected values

of logit and linear models were 0.998, which suggest equal overall predictive performance for both models.

Genetic Correlations Between Reproductive Disorders

Genetic correlations between single traits (RP, PUERP, MET, ESTRUS, and CYST) are shown in Table 5. The traits RP, PUERP, and MET in early lactation (puerperal metritis) are considered to be related. It is well known that RP increases the risk of uterine infections after calving (LeBlanc, 2008). However, the obtained genetic correlation of 1 between RP, PUERP, and MET was surprising. This may imply that veterinarians partly did not distinguish precisely between these codes. Other studies have reported much lower correlations among these traits. Lin et al. (1989) found a genetic correlation of 0.24 between RP and MET in first-lactation cows, whereas in the study of Van Dorp et al. (1998) the estimates of genetic correlations between RP and MET were positive but close to 0. Using field data of more than 500,000 first-lactation Norwegian Red cows, Heringstad (2009a) estimated a

Table 4. Rank correlations between random effects of sires with progeny in the data set for retained placenta (RP), puerperal diseases (PUERP), metritis (MET), silent heat and anestrus (ESTRUS), cystic ovaries (CYST), early reproductive disorders (EREPRO), late reproductive disorders (LREPRO), and reproductive disorders (REPRO) based on logit threshold sire models (TSM), linear sire models (LSM), and linear animal models (LAM)

Trait	Sires, n	TSM-LSM	TSM-LAM	LSM-LAM
Single trait				
RP	253	0.999	0.882	0.880
PUERP	240	0.994	0.884	0.891
MET	173	0.996	0.913	0.914
ESTRUS	173	0.993	0.876	0.887
CYST	173	0.995	0.905	0.914
Composite trait				
EREPRO	240	0.998	0.921	0.922
LREPRO	182	0.996	0.889	0.899
REPRO	186	0.995	0.920	0.923

Table 5. Estimated parameters for retained placenta (RP), puerperal diseases (PUERP), metritis (MET), silent heat and anestrus (ESTRUS), and cystic ovaries (CYST) based on linear animal models¹

Trait	RP	PUERP	MET	ESTRUS	CYST
RP	0.007 (0.003)	1.000 (<0.001)	1.000 (<0.001)	0.388 (0.084)	-0.014 (0.180)
PUERP		0.019 (0.005)	1.000 (0.001)	0.466 (0.139)	0.676 (0.114)
MET			0.010 (0.005)	0.054 (0.443)	0.217 (0.235)
ESTRUS				0.006 (0.004)	0.849 (0.280)
CYST					0.041 (0.010)

¹Heritabilities are on the diagonal and genetic correlations are above the diagonal. Standard errors for the estimates are shown in parentheses.

genetic correlation of 0.64 between MET within 300 d after calving and RP.

Low to moderate genetic correlations were found between ESTRUS and RP, PUERP, and MET, whereas a strong positive correlation of 0.85 was found between ESTRUS and CYST. As reviewed by Garverick (1997) and Vanholder et al. (2006), the clinical signs that accompany ovarian cysts are variable, but many cows with cysts are recognized to be anestrus. Heringstad (2009a) reported that all genetic correlations in Norwegian Red cows involving ESTRUS (RP, MET, CYST) were low and that none of the genetic correlations could be considered to be different from 0.

There was no significant genetic correlation between CYST and RP and MET, which is in agreement with previous studies of Van Dorp et al. (1998) and Zwald et al. (2004b). In the study of Heringstad (2009a), genetic correlations between CYST and MET were not different from zero, whereas between CYST and RP a negative correlation of -0.26 was found.

In the current study, a strong positive genetic correlation of 0.68 was estimated between CYST and PUERP. Genetic correlations involving PUERP were, however, not available in the literature.

Genetic correlations among the composite traits EREPRO, LREPRO, and REPRO are presented in Table 6. A moderately positive genetic correlation of 0.57 was found between EREPRO and LREPRO. This was expected because genetic correlations between individual reproductive disorders that appear in early

lactation and those in late lactation were low to moderate (Table 5). The differentiation between EREPRO and LREPRO is also reasonable; based on the results of our study, the traits that occur mainly around calving (RP, PUERP, MET) were highly correlated and CYST and ESTRUS also seem to share the same genetic background to a great extent. However, between the hormonal diseases (CYST, ESTRUS) and MET, an inflammation of the uterus, a low genetic correlation was found. Thus, for genetic evaluation, reproductive disorders should be regarded as different traits, at least in early and later stages of lactation, as it has been developed for the joint genetic evaluation in Denmark, Sweden, and Finland (Johansson et al., 2008). Johansson et al. (2008) reported even lower genetic correlations ranging from 0.25 to 0.40 between EREPRO and LREPRO in the first 3 lactations for Danish Holstein and Red Danish cattle.

Genetic Correlations with Fertility and Milk Yield

Genetic correlations between EREPRO, LREPRO, REPRO, fertility (NR56, CFI, FLI), and MY in early lactation are given in Table 6. Estimates of genetic correlations between disease and fertility traits were all favorable. Low to moderate genetic correlations were found between CFI and the different disease traits. Genetic correlations between NR56 and EREPRO, LREPRO, and REPRO were in the range from -0.40 to -0.87. Even higher favorable correlations were

Table 6. Estimated parameters for early reproductive disorders (EREPRO), late reproductive disorders (LREPRO), reproductive disorders (REPRO), interval from calving to first insemination (CFI), nonreturn rate at 56 d (NR56), interval from first to last insemination (FLI), and milk yield (MY) based on linear animal models¹

Trait	EREPRO	LREPRO	REPRO	CFI	NR56	FLI	MY
EREPRO	0.023 (0.006)	0.574 (0.141)	0.781 (0.080)	0.112 (0.039)	-0.396 (0.264)	0.846 (0.104)	0.309 (0.108)
LREPRO		0.037 (0.009)	0.959 (0.020)	0.525 (0.127)	-0.865 (0.134)	0.826 (0.099)	0.209 (0.078)
REPRO			0.041 (0.009)	0.488 (0.070)	-0.774 (0.230)	0.972 (0.119)	0.267 (0.115)
CFI				0.034 (0.007)	-0.234 (0.231)	0.520 (0.176)	0.340 (0.102)
NR56					0.008 (0.004)	-0.930 (0.132)	-0.587 (0.130)
FLI						0.014 (0.006)	0.441 (0.192)
MY							0.190 (0.013)

¹Heritabilities are on the diagonal and genetic correlations are above the diagonal. Standard errors for the estimates are shown in parentheses.

Table 7. Pearson correlations between EBV of sires with at least 50 daughters for early reproductive disorders (EREPRO), late reproductive disorders (LREPRO), and reproductive disorders (REPRO) based on linear animal models and EBV for other traits routinely evaluated

Item	EREPRO (109 sires)	LREPRO (92 sires)	REPRO (94 sires)
Milk, kg	-0.05	-0.15	-0.07
Fat, %	0.04	0.13	0.08
Fat, kg	-0.02	-0.05	-0.01
Protein, %	0.05	0.07	0.03
Protein, kg	-0.02	-0.14	-0.07
Longevity	0.27**	0.13	0.27**
Persistency	0.11	0.02	0.11
Nonreturn rate at 56 d (heifers)	-0.10	0.00	-0.07
Nonreturn rate at 56 d (cows)	-0.03	0.04	-0.03
Interval from calving to first insemination	0.21*	0.30**	0.34**
Interval from first to last insemination (heifers)	0.00	0.16	0.11
Interval from first to last insemination (cows)	0.23*	0.29**	0.32**
Calving ease direct	-0.15	-0.06	-0.01
Calving ease maternal	0.37***	0.21*	0.28**
Stillbirth direct	-0.02	0.02	0.14
Stillbirth maternal	0.22*	0.10	0.21*

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$.

obtained between FLI and reproductive disorders. The literature lacks studies of genetic relationships of reproductive disorders with fertility traits. Pösö and Mäntysaari (1996) found genetic correlations of 0.80 and 0.37, the latter, however, not being significantly different from zero, between days open and ovulatory disorders and MET, respectively. Schnitzenlehner et al. (1998) reported a genetic correlation of 0.54 between RP and days open. Low genetic correlations of 0.24 and 0.11 between RP and CFI and between RP and NR56, respectively, were obtained by Heringstad et al. (2009b). However, the estimates from the latter study were not significantly different from zero.

Genetic correlations between MY in early lactation and EREPRO, LREPRO, and REPRO were in the range of 0.21 to 0.31, suggesting that selection for higher milk yield would increase susceptibility to reproductive disorders. Pösö and Mäntysaari (1996) found higher unfavorable genetic associations of 0.42 and 0.68 between 305-d MY and ovulatory disorders and MET, respectively. Hooijer et al. (2001) reported a genetic correlation of 0.34 between 305-d MY and CYST. Genetic correlations among fertility (NR56, CFI, and FLI) and MY in early lactation were generally in agreement with previous estimates in Austrian Fleckvieh cattle (Gredler, 2008).

Correlations of Breeding Values with Production and Fitness Traits

Pearson correlations between breeding values of sires with at least 50 daughters for EREPRO (109 sires), LREPRO (92 sires), and REPRO (94 sires) based on linear animal models with official breeding values for

production and fitness traits are shown in Table 7. Correlations between breeding values are always an underestimation of genetic correlations unless accuracies of EBV are close to 1. Thus, these results should be interpreted only as general indications. Again, it should be noted that higher breeding values indicate genetically favorable sires with fewer diseased daughters.

Low, but nonsignificant, antagonistic relationships were observed between milk production and all reproductive disease traits. Positive correlations were found with longevity, suggesting that selection for disease resistance would improve longevity as well, which is in agreement with the study of Zwald et al. (2004b).

Because the physiological status of heifers is quite different from that of cows, it was not unexpected that heifer fertility traits showed low positive or even negative correlations to disease resistance traits in cows. Larger positive correlations were calculated when fertility traits of cows were considered. As soon as an adequate number of diagnoses are available for heifers, these should also be included in further analyses. Further, positive correlations were found between reproductive disorders and calving ease maternal and stillbirth maternal, indicating that cows with easier and normal calving have fewer reproductive problems. A low positive, albeit nonsignificant, genetic relationship between retained placenta and calving difficulties has been shown earlier by Schnitzenlehner et al. (1998). Other genetic studies dealing with these traits were not available in the literature.

CONCLUSIONS

The results showed that the data from the Austrian health monitoring project can be used for genetic evalu-

ation of reproductive disorders. Generally, heritability estimates of reproductive disorders are low regardless of the applied methodology (threshold or linear). Although linear models ignore the binary nature of disease traits, high rank correlations among random effects of sires obtained with linear and threshold models were calculated. Linear models have been found to be robust against deviations of the assumptions of normal distribution. All genetic correlations between reproductive disorders and fertility traits in Austrian Fleckvieh cattle were favorable. Thus, selection against reproductive disorders will result in improvement of fertility. As a correlated selection response, this would lead to higher NR56 and shorter CFI and FLI. Breeding mainly for higher MY in early lactation would lead to increased susceptibility to reproductive disorders.

This study was based on a relatively small data set, so the genetic parameters could not be estimated precisely. Therefore, it is important to reestimate these parameters as soon as a larger data set is available and to include reproductive disorders and fertility traits of heifers. Moreover, the genetic relationships between calving ease, stillbirth, and reproductive disorders should be investigated in further studies.

ACKNOWLEDGMENTS

We gratefully acknowledge the collaborative work of the project partners in Austria [Federation of Austrian Cattle Breeders, including its member organizations of performance recording and breeding (Vienna, Austria), University of Natural Resources and Applied Life Sciences (Vienna, Austria), University of Veterinary Sciences (Vienna, Austria), Chamber of Agriculture (Vienna, Austria), Chamber of Veterinarians (Vienna, Austria), and Coordination Office of Animal Health Organizations (St. Pölten, Austria)] to establish a "health monitoring system in cattle" and all participating dairy farmers and veterinarians. This work was financed by the Austrian Federal Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management (Vienna) and the Federation of Austrian Cattle Breeders (Vienna). Birgit Fuerst-Waltl was supported by the Austrian Science Foundation (Vienna; Elise-Richter Program V43-B12). The authors thank Arthur R. Gilmour (NSW Department of Primary Industries, Orange, Australia) and 2 anonymous reviewers for their valuable comments and suggestions.

REFERENCES

- Andersen-Ranberg, I. M., G. Klemetsdal, B. Heringstad, and T. Steine. 2005. Heritabilities, genetic correlations, and genetic change for

- female fertility and protein yield in Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88:348-355.
- Boettcher, P. J., L. K. Jarrath, and J. C. M. Dekkers. 1999. Comparison of methods for genetic evaluation of stress for survival of their daughters in the first three lactations. *J. Dairy Sci.* 82:1034-1044.
- Dechow, C. D., G. W. Rogers, U. Sander-Nielsen, L. Kiet, T. J. Lawlor, J. S. Clay, A. E. Freeman, G. Abdel-Aziz, A. Kuck, and S. Schnell. 2004. Correlations among body condition scores from various sources, dairy form, and cow health from the United States and Denmark. *J. Dairy Sci.* 87:3526-3533.
- Egger-Danner, C., B. Fuerst-Waltl, W. Holzhaecker, R. Janacek, J. Lederer, C. Litzlacher, C. Mader, M. Mayerhofer, J. Miesnerberger, W. Obritzhauser, G. Schoder, and A. Wagner. 2007. Establishing a health monitoring system for cattle in Austria: First experiences. Page 363 in *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP*, Dublin, Ireland. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, the Netherlands.
- Fogh, A., A. Roth, O. M. Pedersen, J. Å. Eriksson, J. Juga, M. Tuovonen, I. M. Andersen-Ranberg, T. Steine, U. S. Nielsen, and G. P. Aamand. 2003. A joint Nordic model for fertility traits. *Interbull Bull.* 31:52-55.
- Fuerst, C., and C. Egger-Danner. 2002. Joint genetic evaluation for fertility in Austria and Germany. *Interbull Bull.* 29:73-76.
- Fuerst, C., and B. Gredler. 2009. Genetic evaluation for fertility in Austria and Germany. *Interbull Bull.* 40:3-9.
- Fürst, C., and B. Fürst-Waltl. 2006. Züchterische Aspekte zu Kalbeverlauf, Totgeburtenrate und Nutzungsdauer in der Milchviehzucht. *Züchtungskunde* 78:365-383.
- Garverick, H. A. 1997. Ovarian follicular cysts in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 80:995-1004.
- Gianola, D. 1982. Theory and analysis of threshold characters. *J. Anim. Sci.* 54:1079-1096.
- Gianola, D., and J. L. Foulley. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* 15:201-224.
- Gilmour, A. R., B. J. Gogel, B. R. Cullis, and R. Thompson. 2006. *ASReml User Guide*. Release 2.0. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, UK.
- Gredler, B. 2008. *Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Merkmale der Fruchtbarkeit beim Rind*. PhD Thesis. University of Natural Resources and Applied Life Sciences, Vienna, Austria.
- Groeneveld, E. 2006. *PEST User's Manual*. Institute of Animal Science, Neustadt, Germany.
- Groeneveld, E., M. Kovač, and N. Mielenz. 2008. *VCE Users's Guide and Reference Manual*. Version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics, Neustadt, Germany.
- Heringstad, B. 2009a. Genetic analysis of reproductive diseases and disorders in Norwegian Red cows. Page 179 in *Book of Abstracts of the 60th Annual Meeting of the EAAP*, Barcelona, Spain. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, the Netherlands.
- Heringstad, B., Y. M. Chang, D. Gianola, and G. Klemetsdal. 2005. Genetic association between susceptibility to clinical mastitis and protein yield in Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88:1509-1514.
- Heringstad, B., X.-J. Wu, and D. Gianola. 2009b. Inferring relationships between health and fertility in Norwegian Red cows using recursive models. *J. Dairy Sci.* 92:1778-1784.
- Hooijer, G. A., R. B. F. Lubbers, B. J. Ducro, J. A. M. van Arendonk, L. M. T. E. Kaal-Lansbergen, and T. van der Lende. 2001. Genetic parameters for cystic ovarian disease in Dutch Black and White dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 84:286-291.
- Interbull. 2009. Description of national genetic evaluation systems for dairy cattle traits as practised in different Interbull member countries. http://www-interbull.shu.se/national_ges_info/framesida-ges.htm Accessed Feb. 15, 2010.
- Johansson, K., J. Pösö, U. S. Nielsen, J.-Å. Eriksson, and G. P. Aamand. 2008. Joint genetic evaluation of other disease traits in Denmark, Finland and Sweden. *Interbull Bull.* 38:107-112.

- Kachman, S. D. 2001. An introduction to generalized linear mixed models. Pages 59-73 in Proc. Implementation Strategies for National Beef Cattle Evaluation. NCR Coordinating Committee Symposium, Athens, GA. <http://statistics.unl.edu/faculty/steve/glmn/paper.pdf> Accessed Feb. 15, 2010.
- LeBlanc, S. J. 2008. Postpartum uterine disease and dairy herd reproductive performance. *Vet. J.* 176:102-114.
- Lin, H. K., P. A. Oltenacu, L. D. Van Vleck, H. N. Erb, and R. D. Smith. 1989. Heritabilities of and genetic correlations among six health problems in Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 72:180-186.
- Liu, Z., J. Jaltner, F. Reinhardt, E. Pasman, S. Rensting, and R. Reents. 2008. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait animal model. *J. Dairy Sci.* 91:4333-4343.
- Mighor, F., B. L. Muir, and B. J. Van Doormaal. 2005. Selection indices in Holstein cattle of various countries. *J. Dairy Sci.* 88:1255-1263.
- Negussie, E., I. Strandén, and E. A. Mäntysaari. 2008. Genetic analysis of liability to clinical mastitis, with somatic cell score and production traits using bivariate threshold-linear and linear-linear models. *Livest. Sci.* 117:52-59.
- Philipsson, J., and B. Lindhé. 2003. Experiences of including reproduction and health traits in Scandinavian dairy cattle breeding programmes. *Livest. Prod. Sci.* 83:99-112.
- Pöös, J., and E. A. Mäntysaari. 1996. Genetic relationships between reproductive disorders, operational days open and milk yield. *Livest. Prod. Sci.* 46:41-48.
- Schnitzlerlehner, S., A. Essl, and J. Sölkner. 1998. Retained placenta: Estimation of nongenetic effects, heritability and correlations to important traits in cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 115:467-478.
- Sorenson, D., and D. Gianola. 2002. Likelihood, Bayesian and MCMC Methods in Quantitative Genetics. Springer-Verlag, New York, NY.
- Tempelman, R. J. 1998. Generalized linear mixed models in dairy cattle breeding. *J. Dairy Sci.* 81:1428-1444.
- Van Dorp, T. E., J. C. M. Dekkers, S. W. Martin, and J. P. T. M. Noordhuizen. 1998. Genetic parameters of health disorders, and relationships with 305-day milk yield and conformation traits of registered Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 81:2264-2270.
- Vanholder, T., G. Opsomer, and A. DeKruif. 2006. Aetiology and pathogenesis of cystic ovarian follicles in dairy cattle: A review. *Reprod. Nutr. Dev.* 46:105-119.
- VanRaden, P. M., A. H. Sanders, M. E. Tooker, R. H. Miller, H. D. Norman, M. T. Kuhn, and G. R. Wiggans. 2004. Development of a national genetic evaluation for cow fertility. *J. Dairy Sci.* 87:2285-2292.
- Vazquez, A. I., D. Gianola, D. Bates, K. A. Weigel, and B. Heringstad. 2009. Assessment of poisson, logit, and linear models for genetic analysis of clinical mastitis in Norwegian Red cows. *J. Dairy Sci.* 92:739-748.
- Wassmuth, R., D. Boelling, P. Madsen, J. Jensen, and B. B. Andersen. 2000. Genetic parameters of disease incidence, fertility and milk yield of first parity cows and the relation to feed intake of growing bulls. *Acta Agric. Scand. Anim. Sci.* 50:93-102.
- Wright, S. 1934. An analysis of variability in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. *Genetics* 19:506-536.
- ZAR. 2009. Die österreichische Rinderzucht 2008. Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Vienna. <http://www.zar.at/article/articleview/16/1/306> Accessed September 30, 2009.
- Zwald, N. R., K. A. Weigel, Y. M. Chang, R. D. Welper, and J. S. Clay. 2004a. Genetic selection for health traits using producer-recorded data. I. Incidence rates, heritability estimates, and sire breeding values. *J. Dairy Sci.* 87:4287-4294.
- Zwald, N. R., K. A. Weigel, Y. M. Chang, R. D. Welper, and J. S. Clay. 2004b. Genetic selection for health traits using producer-recorded data. II. Genetic correlations, disease probabilities, and relationships with existing traits. *J. Dairy Sci.* 87:4295-4302.

8.4 Genetische Analyse von Mastitis und deren Beziehung zu verschiedenen Zellzahl-Parametern

Zusammenfassung

Während des Forschungsaufenthalts an der Norwegian University of Life Sciences am Department of Animal and Aquacultural Sciences in Aas wurde mit Dr. Bjorg Heringstad an genetischen Korrelationen zwischen Mastitis und verschiedenen Zellzahldefinitionen für Fleckvieh gearbeitet.

Das Merkmal Mastitis wurde als binäres Merkmal (0/1) definiert, wobei folgende Zeiträume untersucht wurden:

- 10 Tage vor bis 50 Tage nach der Abkalbung
- 51 bis 150 Tage nach der Abkalbung
- 10 Tage vor bis 150 Tage nach der Abkalbung

Weiters wurden die folgenden Zellzahlmerkmale analysiert:

- SCS (Somatic cell score) in der Frühlaktation: Mittelwert der ersten beiden Testtagsergebnisse
- Laktations-SCS: Mittelwert von mind. 6 Testtagsergebnissen im Zeitraum 8 bis 305 Tage nach der Abkalbung
- Subklinische Mastitis: definiert als binäres Merkmal (0/1), Zellzahl auf drei aufeinander folgenden Testtagen $> 200,000$ im Zeitraum 8 bis 305 Tage nach der Abkalbung

Schwellenwertmodelle wurden für die binären Merkmale verwendet, während für die Merkmale SCS in der Frühlaktation und Laktation-SCS lineare Modelle angewendet wurden. Die Erblichkeiten für die Mastitismerkmale waren zwischen 0,02 und 0,06 auf der zugrunde liegenden Skala, während für die Zellzahlmerkmale generell höhere Erblichkeiten im Bereich von 0,09 bis 0,13 berechnet wurden. Die geschätzten genetischen Korrelationen zwischen Mastitis und den Zellzahlmerkmalen waren zwischen 0,64 und 0,77. Da Mastitis und Zellzahl verschiedene Aspekte der Eutergesundheit beschreiben, sollten beide Merkmale in Selektionsentscheidungen berücksichtigt werden. Korrelationen zu anderen Zuchtwerten zeigten, dass vor allem

das Exterieurmerkmal Euterboden als zusätzliche Information in die Zuchtwertschätzung eingehen könnte um Mastitis und Zellzahl zu reduzieren.



Genetic analysis of clinical mastitis and somatic cell count traits in Austrian Fleckvieh cows

A. Koeck,^{*1} B. Heringstad,[†] C. Egger-Danner,[‡] C. Fuerst,[‡] P. Winter,[§] and B. Fuerst-Waltl^{*}

^{*}Division of Livestock Sciences, Department of Sustainable Agricultural Systems, University of Natural Resources and Life Sciences, Gregor-Mendel-Str. 33, 1180 Vienna, Austria

[†]Department of Animal and Aquacultural Sciences, Norwegian University of Life Sciences, PO Box 5003, N-1432 Ås, Norway

[‡]ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19, 1200 Vienna, Austria

[§]Data, Statistics and Risk Assessment, Austrian Agency for Health and Food Safety, Robert Koch Gasse 17, 2340 Mödling, Austria

ABSTRACT

The objectives of this study were to investigate genetic associations between clinical mastitis (CM) and different somatic cell count traits, and to examine their relationships, in terms of estimated breeding values, with other traits that are routinely evaluated in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. Records on veterinary treatments of CM were available from the Austrian health-monitoring project. For CM, 3 intervals in early lactation were considered: –10 to 50 d, 51 to 150 d, and –10 to 150 d after calving. Within each interval, absence or presence of CM was scored as 1 or 0 based on whether or not the cow had recorded at least one veterinary treatment of CM. The average somatic cell score of the first 2 test-days after calving was defined as early lactation average somatic cell score, and lactation mean somatic cell score was the average of all test-day somatic cell scores from 8 to 305 d after calving. Subclinical mastitis was expressed as a binary trait based on prolonged elevated somatic cell counts. If somatic cell counts on 3 consecutive test-days in the interval from 8 to 305 d after calving were above 200,000 cells/mL, the binary variable subclinical mastitis was defined as 1 and otherwise 0. Records of Austrian Fleckvieh cows, with calving from January 1, 2007, to February 28, 2009, were analyzed using univariate and bivariate sire models. Threshold liability models were applied for binary traits, and Gaussian models were used for early lactation average somatic cell score and lactation mean somatic cell score. A Bayesian approach using Gibbs sampling was applied for genetic analyses. Posterior means of heritability of liability to CM were 0.06 and 0.02 in the first and second interval, respectively, and 0.05 in the full period (–10 to 150 d). Heritability estimates of somatic cell count traits were higher (0.09 to 0.13). The posterior mean of the genetic correlation

between CM in lactation period 1 (–10 to 50 d after calving) and 2 (51 to 150 d after calving) was close to unity. Posterior means of genetic correlations between CM and somatic cell count traits ranged from 0.64 to 0.77. Because CM and somatic cell count describe different aspects of udder health, information on both traits should be considered for selection of bulls. Correlations of sire breeding values revealed that especially the udder conformation trait udder depth may be useful as additional information to reduce both CM and somatic cell count.

Key words: clinical mastitis, somatic cell count, genetic correlation, dairy cattle

INTRODUCTION

Breeding for mastitis resistance is becoming increasingly important because of its effect on farm economy and animal welfare and because consumer demands for healthy and naturally produced products are increasing. Furthermore, the unfavorable genetic correlations between milk production and clinical mastitis (CM) are well known (Heringstad et al., 2000).

Most of the countries that perform genetic evaluations for mastitis resistance lack records of CM because disease recording systems are not well developed. Thus, most commonly SCC is used as an indirect measure. In Austria, genetic evaluations for udder health are based on SCC and have been carried out since 1998. At present a fixed regression test-day model is used for routine genetic evaluation. Somatic cell count is included in the total merit index, currently with a relative weight of 9.7% for Fleckvieh cattle (Fuerst et al., 2010).

In a review, Heringstad et al. (2000) reported that estimates of genetic correlations between CM and SCC ranged from 0.3 to 0.8, with an average of 0.6 based on Nordic field data, which indicates that SCC and CM cannot be considered as the expression of the same trait. High SCC reflects more subclinical and chronic cases of mastitis, which are infrequently recorded in the usual performance testing schemes. Detecting clinical events

Received May 19, 2010.

Accepted August 12, 2010.

¹Corresponding author: astrid.koeck@boku.ac.at

with rapid recovery on the basis of monthly test-day SCC is usually not possible. Shook and Schutz (1994) pointed out that the monthly sampling scheme for SCC will detect perhaps 10 to 20% of these infections. Furthermore, cows that undergo antibiotic treatment on the day of herd testing are usually not sampled for milk analysis, and high SCC peaks will not be recorded. In contrast, the trait CM ignores subclinical cases of mastitis. As shown by Carlén et al. (2004), selection will be most efficient when information on CM and SCC are combined.

Previous studies also indicate that genetic correlations between CM in different parts of lactation, at least in early and late lactation, are much lower than one. This implies that mastitis cannot be regarded as the same trait throughout lactation (Heringstad et al., 2004; Negussie et al., 2006; Zwald et al., 2006).

Until now, genetic evaluations of CM have been carried out only in the Nordic countries where health traits have been routinely and widely recorded for more than 30 years. In Austria in 2006, a project to establish a nationwide health-monitoring system for cattle was started, in which diagnoses from veterinarians are recorded (Egger-Danner et al., 2007).

The objectives of this study were to use CM records from the Austrian health-monitoring project to 1) infer heritabilities and genetic correlations of CM in different stages of lactation; 2) estimate genetic correlations between CM, early lactation SCS (ESCS), lactation mean SCS (LSCS), and subclinical mastitis derived from SCC test-day records (SM); and 3) examine relationships between breeding values for CM and SCC traits and other traits that are routinely evaluated for Austrian Fleckvieh cows. A Bayesian approach using Gibbs sampling was applied for the genetic analyses.

MATERIALS AND METHODS

Data

Mastitis data from Fleckvieh cows were obtained from the Austrian project "Health Monitoring in Cattle," in which diagnoses from veterinarians are recorded (Egger-Danner et al., 2007). Recording of health data on farms is currently voluntary. To ensure that all cows were from herds actively participating in the health-recording system, only herds with at least one recorded diagnosis (any disease) per 10 cows and year were considered. Furthermore, only data from veterinarians who recorded at least 500 diagnoses distributed over the whole period were considered in this analysis to rule out inconsistent data collection. About 25% of the farms were excluded by this data editing.

Table 1. First incidence (%) of acute and chronic mastitis by stage of lactation, measured as days after calving, for cows that completed 305 d after calving

Days from calving	Acute mastitis (n = 2,562)	Chronic mastitis (n = 1,668)
-10 to 0	6.4	3.2
1 to 10	17.1	8.0
11 to 30	12.2	7.9
31 to 60	12.4	8.0
61 to 90	10.2	6.4
91 to 120	8.2	5.0
121 to 150	7.9	5.2
151 to 180	6.6	4.7
181 to 210	4.9	4.0
211 to 240	4.6	4.0
241 to 270	4.3	10.8
271 to 305	5.2	32.8

Records from the first 5 lactations of Austrian Fleckvieh cows calving between January 1, 2007, and February 28, 2009, were included in this study. Age at first calving was between 19 and 43 mo, and records of animals with a calving interval shorter than 300 d or longer than 800 d were excluded.

The trait CM included veterinary treatments of acute and chronic mastitis. Cows with acute mastitis have high SCC and exhibit clinical signs of illness, whereas chronic-mastitis-affected cows have persistently increased SCC. Analyzing CM throughout the entire lactation was impossible. As shown in Table 1, the majority of acute CM treatments occurred in early lactation, whereas most cases of chronic mastitis were at the end of lactation. The latter may imply that veterinarians partly coded cows receiving dry cow therapy as chronic cases. Therefore, a new code for dry cow therapy was introduced in October 2008. In the future it should thus be possible to analyze CM in late lactation.

In this study CM only in the early part of lactation (to 150 d after calving) was analyzed. Clinical mastitis was defined as a binary trait (1 or 0) based on whether or not the cow had at least one veterinary treatment of CM recorded within each of the 3 intervals: from -10 to 50 d after calving (CM1), from 51 to 150 d after calving (CM2), and from -10 to 150 d after calving (CM3). All cows culled due to udder problems within the defined time period were considered as diseased even if they did not have a record of veterinary treatment. Cows culled because of other reasons were considered as healthy if they had no CM treatment.

Test-day records of SCC were taken at 5-wk intervals following an alternate a.m.-p.m. recording scheme. Three SCC traits were defined as mastitis indicators for genetic evaluation. To achieve an approximately normal distribution, SCC was transformed to SCS as follows: $SCS = \log_2(SCC/100,000) + 3$. Early lactation

Table 2. Summary statistics of the data set

Trait	Days from calving	Records, n	Mean
CM1, ¹ %	-10 to 50	33,855	5.6
CM2, ¹ %	51 to 150	24,398	4.9
CM3, ¹ %	-10 to 150	26,273	9.6
ESCS ²		38,818	1.9
LSCS ³		27,042	2.4
SM, ⁴ %		27,042	13.0

¹Percentage of cows with at least one record of veterinary treatment of clinical mastitis (CM) or culled due to udder problems in the defined period.

²Early lactation SCS; average SCS of test-day 1 and 2 after calving in the interval from 8 to 100 d after calving.

³Lactation mean SCS; average SCS of at least 6 test-days in the interval from 8 to 305 d after calving.

⁴Subclinical mastitis; percentage of cows with at least 3 consecutive test-days >200,000 cells/mL in the interval from 8 to 305 d after calving. At least 6 test-days were required for inclusion.

SCS was calculated as the average SCS of the first 2 test-days in the interval from 8 to 100 d after calving, when cows are at high risk of contracting mastitis. Lactation mean SCS was defined as the average of all test-day SCS in the interval from 8 to 305 d after calving. At least 6 test-day SCC records were required for the calculation of LSCS. Subclinical mastitis can be identified by increased SCC and is usually of long duration. An SCC threshold of exceeding 200,000 cells/mL is generally considered to be evidence of SM (Schukken et al., 2003). Therefore, SM was expressed as a binary trait based on prolonged elevated SCC. If SCC on 3 consecutive test-days in the interval from 8 to 305 d after calving were higher than 200,000 cells/mL, the binary variable was scored as 1, and it was scored as 0 otherwise. Only cows with at least 6 SCC test-day records were considered for this trait.

All data sets were further restricted separately to include only sires with at least 30 daughters and herd classes with at least 10 calving cows. After edits, the final data set included a total of 43,299 records of 26,748 Fleckvieh cows from 1,658 herds. However, not all animals had information on all traits. Summary statistics of the analyzed traits are given in Table 2. The proportion of first-, second-, third-, fourth-, and fifth-lactation records was approximately 30, 25, 20, 15, and 10%, respectively. The mean frequencies of CM1, CM2, and CM3 were 5.6, 4.9, and 9.6%, respectively. The mean ESCS and LSCS were 1.9 and 2.4, respectively. For SM, a mean frequency of 13% was calculated, which is rather low. However, Fleckvieh is also the breed with the lowest average SCC (194,167 cells/mL) in Austria (ZuchtData, 2009).

The sire pedigree file had information on sires and maternal grandsires of the 223 bulls with daughters in

the data set, tracing back 7 generations. The resulting pedigree file contained the relationship of 917 males.

Statistical Models

For genetic analyses, a Bayesian approach using Gibbs sampling (e.g., Sorensen and Gianola, 2002) was applied. Univariate and bivariate sire models were fitted, with threshold-liability models for the binary traits CM1, CM2, CM3, and SM, and Gaussian models for ESCS and LSCS. The threshold-liability model (e.g., Gianola and Foulley, 1983) accounts for the binary (0, 1) nature of the data. The threshold model assumes the existence of an unobservable, underlying, continuous variable, called liability (λ). The observed binary variable takes the value 1 if the liability is larger than a fixed threshold and 0 otherwise. Because the threshold and the residual variance are not identifiable for binary traits, these values are constrained to 0 and 1, respectively.

Initially, univariate analyses were applied for all traits. Consecutively, 8 bivariate analyses were carried out for the following trait combinations: 1) CM1-CM2, 2) CM1-ESCS, 3) CM1-LSCS, 4) CM1-SM, 5) CM3-ESCS, 6) CM3-LSCS, 7) CM3-SM, and 8) SM-LSCS. Other trait combinations were not analyzed because the first analysis revealed a genetic correlation near unity between CM1 and CM2, and therefore only one of them (CM1) was chosen for analyses of genetic correlations to SCS traits. Furthermore, CM1 and CM3 are overlapping traits (CM3 contains CM1) and so are ESCS and LSCS. Genetic correlations were, therefore, not estimated for these 2 pairs of traits.

In matrix notation, the model for CM1, CM2, and CM3 was

$$\lambda = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}_h\mathbf{h} + \mathbf{Z}_s\mathbf{s} + \mathbf{e},$$

where λ is a vector of unobserved liabilities to CM1, CM2, or CM3; β is a vector of systematic effects, including effects of age at calving-parity and year-season of calving; \mathbf{h} is a vector of herd of calving effects; \mathbf{s} is a vector of sire effects; \mathbf{e} is a vector of residuals; and \mathbf{X} , \mathbf{Z}_h , and \mathbf{Z}_s are the corresponding incidence matrices.

Four calving age classes were formed for each of the first 2 parities. Age at first calving was grouped into <27, 27 to 28, 29 to 30, and >30 mo, and age at second calving was classified into <40, 40 to 41, 42 to 44, and >44 mo. For older cows, age-parity classes were parity 3, 4, and 5. Year-season of calving had 13 classes, from January 2007 to February 2009, in which seasons were formed by combining 2 mo (January and February, . . .). The permanent environmental effect, which

Table 3. Means and SD of the posterior distributions of sire, herd, and residual variance and of heritability of liability to clinical mastitis (CM) in lactation intervals 1 (–10 to 50 d after calving), 2 (51 to 150 d after calving), and 3 (–10 to 150 d after calving)

Item	CM1		CM2		CM3	
	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD
Sire variance	0.018	0.006	0.006	0.003	0.015	0.005
Herd variance	0.141	0.015	0.138	0.019	0.168	0.015
Residual variance	1	0	1	0	1	0
Heritability ¹	0.063	0.020	0.021	0.012	0.051	0.016

¹Heritability: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + \sigma_e^2)$, where σ_s^2 = sire variance, σ_h^2 = herd variance, and σ_e^2 = residual variance.

accounts for the correlation between repeated measures on the same cow, was not included in the models for CM because preliminary analyses showed that this effect is negligible so far.

The following model was used for ESCS, LSCS, and liability to SM:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_h\mathbf{h} + \mathbf{Z}_s\mathbf{s} + \mathbf{W}\mathbf{p} + \mathbf{e},$$

where \mathbf{y} is a vector of observations for ESCS and LSCS or unobserved liabilities to SM; $\boldsymbol{\beta}$ is a vector of systematic effects, including effects of age at calving–parity and year–season of calving (as described above); \mathbf{h} is a vector of herd of calving effects; \mathbf{s} is a vector of sire effects; \mathbf{p} is a vector of permanent environmental effects of the cow; \mathbf{e} is a vector of residuals; and \mathbf{X} , \mathbf{Z}_h , \mathbf{Z}_s , and \mathbf{W} are the corresponding incidence matrices.

Sampling and Convergence Diagnostics

Bayesian analyses were run using the RJMC routine implemented in the DMU software (Madsen and Jensen, 2008). The sample size and length of burn-in were decided based on the convergence diagnostics of Raftery and Lewis (1992) and on visual inspections of trace plots using the BOA software package (Smith, 2007). Inference for different traits and trait combinations was based on chain lengths of between 100,000 and 350,000 samples. The burn-in was 5,000 rounds for all analyses.

Genetic Evaluations

Sire posterior means for CM1, CM2, CM3, ESCS, LSCS, and SM from the Bayesian analyses were reversed in sign. Thus, higher breeding values indicate genetically favorable sires. In accordance with the Austrian routine breeding value estimation, estimated breeding values were standardized to relative breeding values with a mean of 100 and a genetic standard deviation of 12. Pearson correlations between breeding values

of CM and SCC traits with official EBV of selected production, fitness, and udder conformation traits were computed, based on sires with at least 50 daughters for CM and SCC traits.

RESULTS AND DISCUSSION

Heritability of CM

Variance components and heritability estimates of liability to CM1, CM2, and CM3 from the univariate analyses are given in Table 3. The posterior means (SD) of heritability of liability were 0.06 (0.02) and 0.02 (0.01) for CM1 and CM2, respectively, and 0.05 (0.02) for CM3. The posterior distributions of heritability were reasonably sharp and symmetric for all CM traits, as illustrated in Figure 1. Although the distributions for CM1 and CM2 overlap, the Bayesian analysis suggests a higher heritability of CM1. It seems that most of the genetic variation of CM is found in early lactation, when the cows are facing high physiological demands. Furthermore, the slightly lower heritability estimate for the longer period (CM3) compared with CM1 indicates loss of information when pooling the periods CM1 and CM2 together. Our results are in agreement with previous studies by Lund et al. (1999) and Negussie et al. (2006). Lund et al. (1999) found, transformed to the underlying liability scale, the highest heritability in early lactation (from –10 to 50 d after calving, $h^2 = 0.12$), whereas in the period from 50 to 180 d after calving, the estimate was much lower ($h^2 = 0.002$). Negussie et al. (2006) reported heritabilities of 0.08 and 0.04 in the intervals –30 to 30 d after calving and 31 to 150 d after calving, respectively, in first-lactation Finnish Ayrshire cows. In both mentioned studies, a slightly lower heritability was observed for the full period compared with the first period under investigation. In first-lactation Norwegian Red cows, Heringstad et al. (2004) found a heritability of 0.09 in the first period (–30 d to calving) and only a slight drop in subsequent periods, with heritabilities between 0.06 and 0.07. In contrast, Zwald et al. (2006)

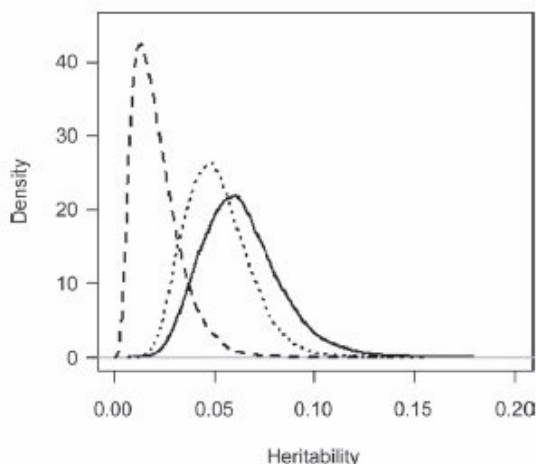


Figure 1. Posterior distributions of heritability [$h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2)$] of liability to clinical mastitis in lactation intervals 1 (-10 to 50 d after calving, solid line), 2 (51 to 150 d after calving, dashed line), and 3 (-10 to 150 d after calving, dotted line). σ_s^2 = sire variance, σ_h^2 = herd variance, σ_{pe}^2 = residual variance.

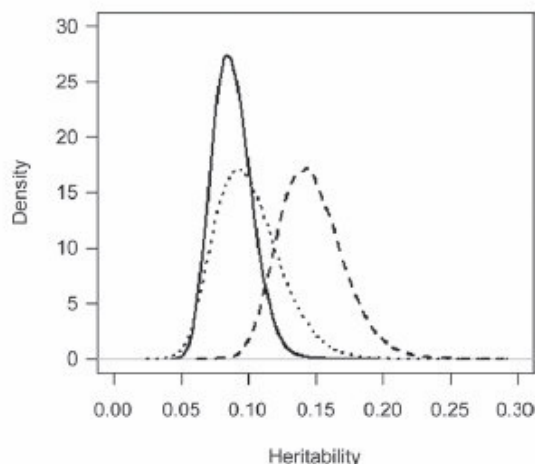


Figure 2. Posterior distributions of heritability [$h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2)$] of early lactation SCS (solid line), lactation mean SCS (dashed line), and liability to subclinical mastitis (dotted line). σ_s^2 = sire variance, σ_h^2 = herd variance, σ_{pe}^2 = permanent environmental variance, σ_e^2 = residual variance.

observed a trend toward increasing heritability estimates as lactations progressed in US Holstein cows.

Heritability of SCC Traits

Estimated variance components and heritabilities for ESCS and LSCS and of liability to SM from the univariate analyses are given in Table 4. The posterior means (SD) of heritability were 0.09 (0.02), 0.13 (0.02), and 0.10 (0.02) for ESCS, LSCS, and SM, respectively. As shown in Figure 2, the posterior distributions of heritability were sharp and symmetric for all traits. The distributions of ESCS and LSCS overlap, but it seems that heritability of ESCS is lower than heritability of LSCS. This was expected because the latter involves an average of more SCS records. Posterior mean estimates

of heritability for ESCS and LSCS agree with previous studies (Carlén et al., 2004; Heringstad et al., 2006). For SM derived from SCC, with a threshold of 200,000 cell/mL, Svendsen and Heringstad (2006) reported heritabilities on the observable scale of 0.045, 0.049, and 0.051 for first-, second-, and third-lactation Norwegian Red cows, respectively.

Correlations Between CM1 and CM2

Table 5 shows posterior means and standard deviations of the genetic, herd, and residual correlations between liabilities to CM1 and CM2. The posterior means of the genetic and herd correlation between the 2 traits were near unity, whereas the posterior mean of the residual correlation was close to zero (0.06). This

Table 4. Means and SD of the posterior distributions of sire, herd, permanent environmental, and residual variance and of heritability of early lactation SCS (ESCS), lactation mean SCS (LSCS), and liability to subclinical mastitis (SM)

Item	ESCS		LSCS		SM	
	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD
Sire variance	0.051	0.009	0.043	0.007	0.056	0.014
Herd variance	0.228	0.012	0.184	0.010	0.251	0.026
Permanent environmental variance	0.509	0.018	0.500	0.012	0.914	0.087
Residual variance	1.534	0.017	0.617	0.010	1	0
Heritability ¹	0.088	0.015	0.127	0.021	0.100	0.024

¹Heritability: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2)$, where σ_s^2 = sire variance, σ_h^2 = herd variance, σ_{pe}^2 = permanent environmental variance, and σ_e^2 = residual variance.

suggests that CM1 and CM2 are genetically almost the same trait.

The point estimate of genetic correlation between CM in different parts of lactation in our study was higher than the 0.37 to 0.73 range reported by Heringstad et al. (2004) in early lactation for Norwegian Red cows. Zwald et al. (2006) obtained even lower genetic correlations in the range of 0.33 to 0.46 between CM within 50 d after calving and CM from 51 to 155 d after calving in the first 3 lactations of US Holstein cows. Our result, however, was similar to the estimates of Lund et al. (1999) and Negussie et al. (2006). Lund et al. (1999) found a genetic correlation of 0.89 between mastitis in early lactation (-10 to 50 d after calving) and in the period 50 to 180 d after calving for Red Danish. Negussie et al. (2006) obtained a correlation of 0.87 between CM in the interval -30 to 30 d after calving and 31 to 150 d after calving for Finnish Ayrshire cows.

Correlations Between CM and SCC Traits

The posterior means and standard deviations of the genetic, herd, and residual correlations of CM1 or CM3 with ESCS, LSCS, and SM are given in Table 5. As illustrated in Figure 3, the posterior distributions of the genetic correlations among CM1 and SCS traits were reasonably symmetric, and all posterior distributions showed a considerable overlap. The posterior standard deviations were quite high, so the genetic correlations should be interpreted with caution. Similar results were obtained among CM3 and SCS traits.

Posterior means of the genetic correlations between CM1 and ESCS and between CM3 and ESCS were 0.77 and 0.76, respectively, with a standard deviation of 0.10. The results indicate that, although CM1 or CM3 and ESCS have some common genetic background, they are not the same trait. Heringstad et al. (2006) found a genetic correlation of 0.62 between CM and SCS in early first lactation in Norwegian Red cows.

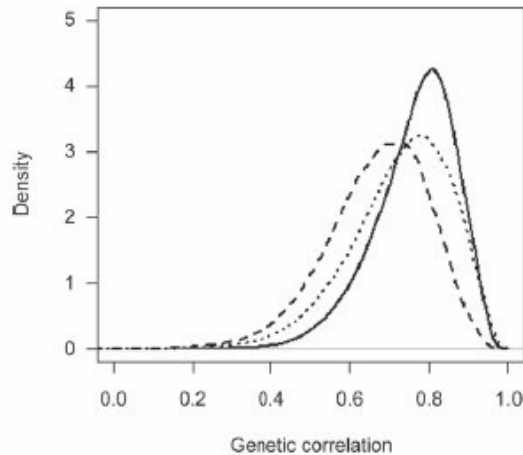


Figure 3. Posterior distributions of genetic correlations between liability to clinical mastitis in lactation interval 1 (-10 to 50 d after calving) and early lactation SCS (solid line), lactation mean SCS (dashed line), and liability to subclinical mastitis (dotted line).

The posterior means (SD) of genetic correlations of CM1 or CM3 with LSCS were 0.67 (0.13) and 0.64 (0.13), respectively, which despite slightly different trait definitions are in agreement with previous studies. Rupp and Boichard (1999) reported a genetic correlation of 0.72 between CM and SCS within 180 d after calving. Carlén et al. (2004) obtained genetic correlations between CM and SCS within 150 d after calving of 0.68, 0.66, and 0.77 for first-, second-, and third-lactation Swedish Holstein. In Norwegian Red cows, Ødegård et al. (2004) found a lower correlation of 0.53 between CM and LSCS.

In our study, ESCS tended to show a stronger genetic correlation to CM traits than did LSCS. This was expected because ESCS and CM1, and CM3 to a large

Table 5. Posterior means and SD of genetic, herd, permanent environmental, and residual correlations among clinical mastitis (CM) in lactation intervals 1 (-10 to 50 d after calving), 2 (51 to 150 d after calving), and 3 (-10 to 150 d after calving), early lactation SCS (ESCS), lactation mean SCS (LSCS), and subclinical mastitis (SM)

Trait	Genetic correlation		Herd correlation		Permanent environmental correlation		Residual correlation	
	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD
CM1 and CM2	0.969	0.032	0.999	0.001	—	—	0.060	0.014
CM1 and ESCS	0.765	0.103	-0.050	0.053	—	—	0.080	0.008
CM1 and LSCS	0.671	0.128	-0.036	0.054	—	—	0.052	0.010
CM1 and SM	0.730	0.128	-0.057	0.069	—	—	0.021	0.012
CM3 and ESCS	0.756	0.104	0.007	0.050	—	—	0.069	0.008
CM3 and LSCS	0.639	0.128	0.038	0.051	—	—	0.073	0.009
CM3 and SM	0.719	0.133	0.037	0.065	—	—	0.052	0.012
SM and LSCS	0.968	0.020	0.956	0.015	0.951	0.019	0.806	0.012

extent, covered the same time period. Negussie et al. (2008) reported that genetic correlations between CM in early lactation (from -7 to 30 d after calving) and test-day SCS varied from 0.41 to 0.77, with the greatest genetic correlation in the early part of lactation. Genetic correlations between CM in late lactation (31 to 300 d after calving) and test-day SCS ranged from 0.34 to 0.71, with the greatest correlations in the late stages of lactation. This indicates that CM and SCS from the same interval may have a more similar genetic basis.

Posterior means (SD) of genetic correlations of CM1 and CM3 with SM were 0.73 (0.13) and 0.72 (0.13), respectively. In first-lactation Norwegian Red cows, Svendsen and Heringstad (2006) found a much lower genetic correlation of 0.35 between SM derived from SCC with a threshold of 200,000 cell/mL and CM in early lactation (-15 to 30 d after calving), whereas a stronger correlation of 0.61 was observed to CM in later lactation (31 to 120 d after calving).

The posterior means of herd correlations between the different trait combinations were close to zero (Table 5). This indicates that herds with higher SCC do not have higher susceptibility to CM. The posterior means of the residual correlations were low and ranged from 0.02 to 0.08.

Correlations Between SM and LSCS

Posterior means and standard deviations of the genetic, herd, permanent environmental, and residual correlations between SM and LSCS are presented in Table 5. The posterior means of the genetic, herd, and permanent environmental correlation were close to 1, whereas the posterior mean of the residual correlation was slightly lower (0.81). This result suggests that SM and LSCS are almost the same trait. Other studies dealing with these traits were not found in the literature.

Associations with Production, Fitness, and Udder Conformation Traits

Pearson correlations of sire breeding values for CM and SCC traits with official EBV of selected production, fitness, and udder conformation traits are shown in Table 6. Only sires with at least 50 daughters for CM and SCC traits were included. Correlations between breeding values are always an underestimation of genetic correlations, unless accuracies of estimated breeding values are close to one. Thus, these results should only be interpreted as general indications. As expected, antagonistic relationships were observed between milk production and CM traits, which is in agreement with previous studies (Heringstad et al., 2000).

Fast-milking cows were found to have a higher SCC, which was also reported by Rupp and Boichard (1999). In contrast, CM traits showed no or favorable associations with milking speed, confirming the findings of Rupp and Boichard (1999) and Sørensen et al. (2000). This indicates that easier flow of milk out of the udder is not necessarily associated with easier entry of pathogens and more CM treatments. As mentioned by Rupp and Boichard (1999), the association of fast milking with increased SCC could result from a more complete draining of the udder, because the last fraction of milk contains 3 to 10 times more cells than the foremilk. A more complete draining of the udder may also lead to a better elimination of pathogens and, thus, could result in a reduced risk of CM.

Muscling was positively correlated with all traits, which suggests that cows with more muscling are more robust and healthy. This is in agreement with previous studies, in which dairy form has been implicated as a potential indicator of disease susceptibility (e.g., Dechow et al., 2004).

In our study, significant positive correlations were found between CM traits and suspensory ligament, which means that cows with a strong ligament have less mastitis treatments. Udder depth and fore udder attachment were positively correlated with all traits, suggesting that cows with higher udders that are more tightly attached have less mastitis treatments and lower SCC. Similar associations between udder conformation and CM traits were shown in earlier studies (e.g., Sørensen et al., 2000).

Model Assumptions and Limitations

Somatic cell score was defined as early lactation mean SCC and lactation mean SCS. Our results and previous results from Negussie et al. (2008) suggested that CM and SCS from the same interval may have a more similar genetic basis, and therefore, the application of test-day (longitudinal) models for SCS would be more appropriate. A longitudinal model can give a dynamic description of the genetic relationship between SCS and CM in the course of lactation. In the joint genetic evaluation of Austria and Germany, a longitudinal model is used for routine genetic evaluation of SCS. Therefore, the ability to combine information from test-day SCS with CM will be a subject for future studies.

This study was based on a small data set, so the genetic correlations could not be estimated very precisely. Most of the cows in the data set used to estimate genetic parameters were daughters of proven sires, which might have introduced some bias. Moreover, records from the first 5 lactations were analyzed together, and not all

Table 6. Pearson correlations between EVB of sires with at least 50 daughters for clinical mastitis (CM) in lactation intervals 1 (–10 to 50 d after calving), 2 (51 to 150 d after calving), and 3 (–10 to 150 d after calving), early lactation SCS (ESCS), lactation mean SCS (LSCS), and subclinical mastitis (SM) based on Bayesian analyses and EBV for other traits routinely evaluated

Item	CM1 (132 sires)	CM2 (119 sires)	CM3 (124 sires)	ESCS (138 sires)	LSCS (121 sires)	SM (121 sires)
Milk kg	–0.18*	–0.19*	–0.21*	–0.16†	0.04	0.07
Fat %	0.02	0.03	0.03	0.02	–0.06	–0.09
Protein %	0.09	0.06	0.11	0.05	–0.05	–0.07
Longevity	0.14	0.07	0.11	0.16†	0.26**	0.26**
Persistency	0.06	–0.17†	–0.05	0.03	0.28**	0.19**
Female fertility index	0.19*	0.05	0.14	0.17†	0.14	0.18†
Milking speed	–0.03	0.23*	0.09	–0.21*	–0.20*	–0.12
Muscling	0.25**	0.12	0.21*	0.23**	0.22*	0.20*
Fore udder attachment (loose–strong)	0.16	0.24*	0.11	0.01	0.12	0.13
Suspensory ligament (weak–strong)	0.13	0.20*	0.21*	–0.02	–0.07	–0.02
Udder depth (deep–high)	0.13	0.29**	0.20*	0.17*	0.23*	0.28**
Teat length (short–long)	–0.10	–0.02	–0.12	–0.06	–0.11	–0.18†
Teat thickness (thin–thick)	–0.14	–0.10	–0.15†	–0.07	–0.10	–0.14
Fore teat placement (outward–inward)	0.03	–0.06	–0.01	0.00	0.04	0.08
Rear teat placement (outward–inward)	0.10	0.00	0.08	0.10	0.11	0.18†

† $P < 0.10$, * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$.

cows start with their first parity. Thus, it is important to reestimate these correlations based on a larger data set and to study CM in late parts of lactation.

CONCLUSIONS

Data from the Austrian health-monitoring project can be used for genetic evaluation of sires for udder health and thus for selection for improved resistance to mastitis. Heritability estimates of CM in early lactation ranged from 0.02 to 0.06 on the underlying liability scale, whereas heritability estimates of SCS traits and SM ranged from 0.09 to 0.13. Genetic correlations between CM and ESCS, LSCS, or SM were between 0.64 and 0.77, which indicate that CM and SCC are not the same trait. The genetic correlation between SM and LSCS was almost 1. For selection of bulls, information on CM and SCC should be combined. Pearson correlations of sire breeding values for CM and SCC traits with udder conformation traits revealed that udder depth in particular may be useful as additional information to reduce both CM and SCC.

ACKNOWLEDGMENTS

The collaborative work of the project partners in Austria [Federation of Austrian Cattle Breeders including its member organizations of performance recording and breeding (Vienna, Austria), University of Natural Resources and Applied Life Sciences (Vienna, Austria), University of Veterinary Medicine (Vienna, Austria), Chamber of Agriculture (Vienna, Austria), Chamber of Veterinarians (Vienna, Austria), Coordination Office

of Animal Health Organizations (St. Pölten, Austria)] to establish a “Health Monitoring System in Cattle” and all dairy farmers and veterinarians participating are gratefully acknowledged. This work was financed by the Austrian Federal Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management (Vienna) and the Federation of Austrian Cattle Breeders (Vienna). Birgit Fuerst-Waltl was supported by the Austrian Science Foundation (Vienna; Elise-Richter Program V43-B12).

REFERENCES

- Carlén, E., E. Strandberg, and A. Roth. 2004. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, and production in the first three lactations of Swedish Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 87:3062–3070.
- Dechow, C. D., G. W. Rogers, U. Sander-Nielsen, L. Kiel, T. J. Lawlor, J. S. Clay, A. E. Freeman, G. Abdel-Aziz, A. Kuck, and S. Schnell. 2004. Correlations among body condition scores from various sources, dairy form, and cow health from the United States and Denmark. *J. Dairy Sci.* 87:3526–3533.
- Egger-Danner, C., B. Fuerst-Waltl, W. Holzhaecker, R. Janacek, J. Lederer, C. Litzlacher, C. Mader, M. Mayerhofer, J. Miesenberger, W. Obritzhauser, G. Schoder, and A. Wagner. 2007. Establishing a health monitoring for cattle in Austria: First experiences. Page 363 in *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP*, Dublin, Ireland. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, the Netherlands.
- Fuerst, C., J. Dodenhoff, R. Emmerling, D. Krogmeier, and E. Niebel. 2010. Zuchtwertschätzung beim Rind. <http://www.zar.at/download/ZWS/ZWS.pdf> Accessed May 6, 2010.
- Gianola, D., and J. L. Foulley. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* 15:201–224.
- Heringstad, B., Y. M. Chang, D. Gianola, and G. Klemetsdal. 2004. Multivariate threshold model analysis of clinical mastitis in multiparous Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 87:3038–3046.
- Heringstad, B., D. Gianola, Y. M. Chang, J. Ødegård, and G. Klemetsdal. 2006. Genetic associations between clinical mastitis

- and somatic cell score in early first-lactation cows. *J. Dairy Sci.* 89:2236-2244.
- Heringstad, B., G. Klemetsdal, and J. Ruane. 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: A review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64:95-106.
- Lund, M. S., J. Jensen, and P. H. Petersen. 1999. Estimation of genetic and phenotypic parameters for clinical mastitis, somatic cell production deviance, and protein yield in dairy cattle using Gibbs sampling. *J. Dairy Sci.* 82:1045-1051.
- Madsen, P., and J. Jensen. 2008. An User's Guide to DMU. A Package for Analysing Multivariate Mixed Models, Version 6, Release 4.7. Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele, Denmark.
- Negussie, E., I. Strandén, and E. A. Mäntysaari. 2006. Genetic analysis of clinical mastitis in different risk periods by linear and threshold models. Page 85 in Proc. 22nd Conf. Finnish Agric. Soc., Helsinki, Finland. The Scientific Agricultural Society of Finland, Helsinki, Finland.
- Negussie, E., I. Strandén, and E. A. Mäntysaari. 2008. Genetic association of clinical mastitis with test-day somatic cell score and milk yield during first lactation of Finnish Ayrshire cows. *J. Dairy Sci.* 91:1189-1197.
- Ødegård, J., B. Heringstad, and G. Klemetsdal. 2004. Short communication: Bivariate genetic analysis of clinical mastitis and somatic cell count in Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 87:3515-3517.
- Raftery, A. E., and S. Lewis. 1992. How many iterations in the Gibbs sampler? Pages 763-774 in *Bayesian Statistics 4*. J. M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M. Smith, eds. Oxford University Press, Oxford, UK.
- Rupp, R., and D. Bolchard. 1999. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 82:2198-2204.
- Schukken, Y. H., D. J. Wilson, F. Welcome, L. Garrison-Tikofsky, and R. N. Gonzalez. 2003. Monitoring udder health and milk quality using somatic cell counts. *Vet. Res.* 34:579-596.
- Shook, G. E., and M. M. Schutz. 1994. Selection on somatic cell score to improve resistance to mastitis in the United States. *J. Dairy Sci.* 77:648-658.
- Smith, B. J. 2007. Boa: An R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. *J. Stat. Softw.* 21:1-37.
- Sørensen, M. K., J. Jensen, and L. G. Christensen. 2000. Udder conformation and mastitis resistance in Danish first-lactation cows: Heritabilities, genetic and environmental correlations. *Acta Agric. Scand. Anim. Sci.* 50:72-82.
- Sorensen, D., and D. Gianola. 2002. Likelihood, Bayesian and MCMC Methods in Quantitative Genetics. Springer-Verlag, New York, NY.
- Svendsen, M., and B. Heringstad. 2006. Somatic cell count as an indicator of subclinical mastitis: Genetic parameters and correlations with clinical mastitis. *Interbull Bull.* 35:12-16.
- ZuchtData. 2009. Jahresbericht 2009 - Zuchtprogramm und Leistungsprüfung. ZuchtData, Vienna. <http://www.zar.at/article/articleview/16/1/306> Accessed May 10, 2010.
- Zwald, N. R., K. A. Weigel, Y. M. Chang, R. D. Welper, and J. S. Clay. 2006. Genetic analysis of clinical mastitis data from on-farm management software using threshold models. *J. Dairy Sci.* 89:330-336.

9 Genetische Parameter beim Braunvieh

Im Rahmen einer Diplomarbeit an der BOKU wurden von Emanuel Huber (Betreuer: PD Dr. Birgit Fürst-Waltl, PD Dr. Roswitha Baumung, DI Astrid Köck, Dr. Christa Egger-Danner, Dr. Christian Fürst) genetische Parameter für Gesundheitsmerkmale beim Braunvieh geschätzt. Die Merkmale wurden gemäß der neuen Routine-Zuchtwertschätzung folgendermaßen definiert:

- **Frühe Fruchtbarkeitsstörungen:** Gebärmutterentzündung, Nachgeburtsverhaltung, puerperale Erkrankungen bis 30 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Unfruchtbarkeit im gleichen Zeitraum
- **Zysten:** 30 bis 150 Tage nach der Abkalbung
- **Mastitis:** akute und chronische Mastitis -10 bis 150 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Eutererkrankungen im gleichen Zeitraum
- **Milchfieber:** -10 bis 10 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Stoffwechselerkrankungen im gleichen Zeitraum

Für eine genauere Beschreibung der Gesundheitsmerkmale in der Routine-Zuchtwertschätzung siehe Kapitel 11. In Tabelle 1 wird ein Überblick über die Anzahl an Daten und arithmetischen Mittelwerte für alle Merkmale gegeben.

Tabelle 1: Datenübersicht

Merkmal	Anzahl Daten (n)	Frequenz (%)
Frühe Fruchtbarkeitsst.	21.760	6,9
Zysten	19.454	3,6
Mastitis	19.760	10,2
Milchfieber	22.190	2,6

Modell

Heritabilitäten und genetische Korrelationen wurden mit bivariaten linearen Tiermodellen mit dem Programm VCE6 (Groeneveld et al., 2008) geschätzt. Folgende Effekte wurden berücksichtigt:

- Laktation (1-5+)*Kalbealter
- Erfassungsart*Kalbejahr
- Betrieb*Kalbejahr (zufällig)
- permanente Umwelt Tier (zufällig)
- genetischer Effekt Tier (zufällig)

Ergebnisse

In Tabelle 2 sind die Heritabilitäten und genetischen Korrelationen für alle Merkmale dargestellt. Die Heritabilitäten lagen im Bereich von 0,01 und 0,03 für die verschiedenen Gesundheitsmerkmale. Beim Fleckvieh wurden basierend auf linearen Tiermodellen ähnliche Ergebnisse ermittelt (siehe Kapitel 8 und 10). Genetische Korrelationen zwischen Zysten und frühe Fruchtbarkeitsstörungen bzw. Mastitis waren niedrig und nicht unterschiedlich von Null, während zwischen den anderen Merkmalen mittlere bis hohe positive genetische Korrelationen berechnet wurden. Alle Ergebnisse liegen im Bereich anderer Untersuchungen aus Skandinavien.

Tabelle 2: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (oberhalb der Diagonale) mit Standardfehler für frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten, Mastitis und Milchfieber

	Frühe Frustör.	Zysten	Mastitis	Milchfieber
Frühe Frustör.	0,024 (0,006)	-0,084 (0,342)	0,445 (0,170)	0,377 (0,177)
Zysten		0,006 (0,004)	-0,091 (0,288)	0,849 (0,263)
Mastitis			0,034 (0,007)	0,467 (0,184)
Milchfieber				0,011 (0,004)

Im Rahmen einer Diplomarbeit an der BOKU sollen ebenfalls genetische Parameter für Gesundheitsmerkmale bei Holstein geschätzt werden. Ergebnisse sind dazu derzeit leider noch nicht verfügbar. Bei den anderen österreichischen

Rinderpopulationen (Grauvieh etc.) ist derzeit der Datenumfang noch zu gering um genetische Parameter zu schätzen.

10 Methodenvergleich

10.1 Vergleich von verschiedenen Modellen für die genetische Analyse von Mastitis

Zusammenfassung

Während des Forschungsaufenthalts an der Norwegian University of Life Sciences am Department of Animal and Aquacultural Sciences in Aas wurde gemeinsam mit Dr. Bjorg Heringstad an einem Methodenvergleich am Merkmal Mastitis für Fleckvieh gearbeitet.

Das Merkmal Mastitis wurde als binäres Merkmal folgendermaßen definiert. Es wurden Behandlungen aufgrund von akuten und chronischen Euterentzündungen im Zeitraum 10 Tage vor bis 50 Tage nach der Abkalbung zusammengefasst. Kühe, die in diesem Zeitraum aufgrund von Eutererkrankungen abgegangen sind, aber keine Diagnose aufwiesen, wurden ebenfalls als krank eingestuft. Kühe, die aufgrund anderer Ursachen abgegangen sind (Leistung, Stoffwechsel, Verkauf zur Zucht, etc.) wurden als gesund berücksichtigt. Die Frequenz dieses Merkmals über alle 5 Laktationen war 5,6%.

In dieser Untersuchung wurden Thresholdmodelle (Probit-Vatermodell, Logit-Vatermodell), lineare Vatermodelle und lineare Tiermodelle miteinander verglichen.

Theoretisch ist das threshold Modell dem linearen Modell überlegen, da beim linearen Modell eine Normalverteilung der Daten unterstellt wird. Beim threshold Modell wird die binäre Struktur der Gesundheitsdaten rechnerisch korrekt berücksichtigt. Dabei wird unterstellt, dass der beobachtbaren binären Variable y eine latente, nichtbeobachtbare Zufallsvariable y^* („liability“) zugrunde liegt. Überschreitet die latente, stetige Zufallsvariable y^* einen Schwellenwert (gewöhnlich den Wert Null) so nimmt y den Wert Eins (krank) ansonsten den Wert Null (gesund) an.

Mit dem probit-Vatermodell wurde eine Erblichkeit von 0,06 geschätzt, während mit dem logit-Vatermodell eine etwas höhere Erblichkeit von 0,08 gefunden wurde. Die Erblichkeitsschätzwerte von beiden Threshold-Modellen können jedoch nicht direkt miteinander verglichen werden, da sie auf einer unterschiedlichen Skala ausgedrückt

sind. Mit linearen Modellen (Vater- und Tiermodell) wurden niedrigere Erblichkeiten von 0,02 geschätzt. Die Erblichkeiten vom linearen Modell können jedoch auch nicht direkt mit den Ergebnissen von Threshold-Modellen verglichen werden, da sich die Erblichkeiten von linearen Modellen auf der beobachtbaren (observable) Skala befinden und die Erblichkeiten von threshold Modellen auf der kontinuierlichen (underlying) Skala sind. Die Heritabilitäten vom linearen Modell können jedoch mit Hilfe der Formel von Dempster und Lerner (1950) auf das Schwellenwert-Modell transformiert werden:

$$h_u^2 = \frac{h_l^2 p(1-p)}{z^2}$$

wobei: h_u^2 ist die Heritabilität auf der zugrunde liegenden kontinuierlichen Skala, h_l^2 ist die Heritabilität vom linearen Modell, p ist die Frequenz des Merkmals, z ist die Ordinate der Standardnormalverteilung am Schwellenwert für die Frequenz p .

Wird die lineare Heritabilität von 0,02 auf das Schwellenwert-Modell transformiert, ergibt sich eine Erblichkeit von 0,08. Dies entspricht in etwa den Erblichkeiten, die mit den Threshold-Modellen berechnet wurden.

Obwohl das threshold Modell dem linearen Modell zumindest theoretisch überlegen ist, ist die Rangierung der Stiere unter allen Vatermodellen Modellen (probit, logit, linear) gleich (Zuchtwertkorrelationen über 0,99). Geringfügige Unterschiede in der Rangierung der Stiere wurden nur zwischen den Vatermodellen und dem linearen Tiermodell beobachtet. Die Fähigkeit zukünftige Daten vorherzusagen („predictive ability“) war unter allen Modellen ebenfalls identisch.

Um aussagekräftige Zuchtwerte zu erhalten, spielt die Modellwahl eine untergeordnete Rolle. Aufgrund der eher niedrigen Frequenzen der Gesundheitsmerkmale und deren niedrigen Erblichkeit, wird es dagegen viel wichtiger sein große Nachkommengruppen zu prüfen um sicher geschätzte Zuchtwerte zu erhalten.



Comparison of different models for genetic analysis of clinical mastitis in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows

A. Koeck,^{*1} B. Heringstad,[†] C. Egger-Danner,[‡] C. Fuerst,[‡] and B. Fuerst-Waltl^{*}

^{*}Division of Livestock Sciences, Department of Sustainable Agricultural Systems, University of Natural Resources and Applied Life Sciences, Gregor-Mendel-Str. 33, 1180 Vienna, Austria

[†]Department of Animal and Aquacultural Sciences, Norwegian University of Life Sciences, P.O. Box 5003, N-1432 Ås, Norway

[‡]ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19, 1200 Vienna, Austria

ABSTRACT

The performance of different models for genetic analyses of clinical mastitis in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows was evaluated. The main objective was to compare threshold sire models (probit and logit) with linear sire and linear animal models using REML algorithm. For comparison, data were also analyzed using a Bayesian threshold sire model. The models were evaluated with respect to ranking of sires and their predictive ability in cross-validation. Only minor differences were observed in estimated variance components and heritability from Bayesian and REML probit models. Heritabilities for probit and logit models were 0.06 and 0.08, respectively, whereas heritabilities for linear sire and linear animal models were lower (0.02). Correlations among ranking of sires from threshold and linear sire models were high (>0.99), whereas correlations between any sire model (threshold or linear) and the linear animal model were slightly lower (0.96). The worst sires were ranked very similar across all models, whereas for the best sires some reranking occurred. Further, models were evaluated based on their ability to predict future data, which is one of the main concerns of animal breeders. The predictive ability of each model was determined by using 2 criteria: mean squared error and Pearson correlation between predicted and observed value. Overall, the 5 models did not differ in predictive ability. In contrast to expectations, sire models had the same predictive ability as animal models. Linear models were found to be robust toward departures from normality and performed equally well as threshold models.

Key words: clinical mastitis, model comparison, linear and threshold model

INTRODUCTION

Breeding for improved mastitis resistance is becoming increasingly important because of its effect on farm economy and animal welfare and because there is an increase in consumer demands for healthy and natural products. Further, it is well known that unfavorable genetic correlations exist between milk production and clinical mastitis (CM). Estimates of the genetic correlation based on Nordic field data range from 0.24 to 0.55 (Heringstad et al., 2000).

A nationwide health monitoring system for cattle was started in Austria in 2006 in which diagnoses from veterinarians are recorded (Egger-Danner et al., 2007). Recording of health data on farms is currently voluntary. The main project aims are to provide support for herd management and data that can be used for prediction of breeding values for health traits. Based on this data, CM is the most frequent disease besides reproductive disorders in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows.

For an efficient genetic evaluation of CM, it is important to use the most appropriate methodology. In the Scandinavian countries direct selection for improved mastitis resistance has been carried out for more than 30 yr, with routine genetic evaluations based on linear models. Because CM is commonly defined as a binary trait for genetic evaluation, scored as 1 if the cow had at least 1 treatment within a defined time period and 0 otherwise, the assumption of normally distributed data is not fulfilled. In the early 1980s, threshold models were developed based on Wright's threshold concept for analysis of categorical data in animal breeding (Gianola and Foulley, 1983; Harville and Mee, 1984; Gilmour et al., 1985). For genetic analysis of CM, several studies have applied threshold models using likelihood procedures (De Haas et al., 2002; Vazquez et al., 2009). In recent years, threshold models applied in a Bayesian framework were widely used (e.g., Heringstad et al., 2004).

A potential disadvantage of the threshold model methodology is that the application of animal models is not always possible because of the extreme category

Received November 17, 2009.

Accepted May 12, 2010.

¹Corresponding author: astrid.koeck@boku.ac.at

Table 1. Number of records, mastitis frequency, and proportion of culled cows within and across lactations

Lactation, n	Records, n	Mastitis frequency, ¹ %	Culled cows, %	Cows culled because of udder problems, %
1	10,841	5.2	6.5	0.5
2	8,525	4.7	2.4	0.3
3	6,573	5.6	3.0	0.6
4	4,918	6.5	4.4	0.7
5	2,998	7.9	5.7	1.0
Overall	33,855	5.6	4.4	0.6

¹Percentage of cows with at least 1 record of veterinary treatment of clinical mastitis or culled because of udder problems in the period from 10 d before to 50 d after calving.

problem, which occurs if all observations for some subclasses are in the same category (Hoeschele and Tier, 1995). The animal model requires fewer assumptions, particularly with regard to randomness in mating.

The objective of this study was to evaluate different models for genetic analysis of CM in Austrian Fleckvieh cows. Threshold sire models (probit and logit) were compared with linear sire and linear animal models with respect to ranking of sires and their predictive ability in cross-validation. This is the first genetic analysis of CM based on data from the Austrian health recording system.

MATERIALS AND METHODS

Data

Diagnoses data from the Austrian project "Health monitoring in cattle" (Egger-Danner et al., 2007) were used for genetic analysis of CM. Because not all herds report health data continuously, it was a challenge to distinguish between farms with low frequencies and farms with incomplete documentation and recording. To ensure that all cows were from herds with reliable health recording, only farms with at least 1 recorded diagnosis (any disease) per 10 cows and year were considered. Furthermore, only data from veterinarians who recorded at least 500 diagnoses distributed over the whole period were considered in this analysis to rule out inconsistent data collection. About 25% of the farms had to be excluded by data editing assuming unreliable documentation and recording.

Records of 41,793 Austrian Fleckvieh cows calving between January 1, 2007 and February 28, 2009 were available for this study. Cows from first to fifth lactation with an age at first calving between 19 and 43 mo were considered. Animals with a calving interval shorter than 300 d or longer than 800 d were excluded. Data were further restricted to cows from herd classes with at least 10 cows in the data set and sires with a minimum of 30 daughters. The final data set had

33,855 records of 23,866 cows, daughters of 201 sires. A total of 1,462 herds were represented in the data.

Clinical mastitis was defined as a binary trait (0 = no mastitis, 1 = mastitis) based on whether the cow had at least 1 veterinary treatment of CM in the period from 10 d before to 50 d after calving. All cows culled because of udder problems within 50 d after calving were considered as diseased even if they did not have a record of veterinary treatment. Cows culled because of other reasons were included as healthy if they had no CM treatment. The culling reason was provided by the farmers. The overall mean CM frequency was 5.6% across lactations. The number of records, frequency of CM, and proportion of culled cows by lactation is given in Table 1.

The sire pedigree file had information on sires and maternal grandsires of the 201 bulls with daughters in the data set, traced back 7 generations, and included a total of 873 males. An animal pedigree file was generated by tracing the pedigrees of cows with data 7 generations back. The resulting pedigree file contained the relationship of 101,521 animals.

Statistical Models

Clinical mastitis was analyzed using threshold sire models (probit and logit) and linear sire and linear animal models. All the models applied belong to the class of generalized linear mixed models, which can be used to analyze data with different distributions from the exponential family (e.g., normal, binomial). These models use a link function relating the expected value $E(y_{ijkt}) = \mu_{ijkt}$ to the linear predictor η_{ijkt} . The following linear predictor was common to all models:

$$\eta_{ijkt} = \varphi + AGE_i + YS_j + h_k + g_t$$

where η_{ijkt} is a function of the expected CM; φ is an intercept; AGE_i is the fixed effect of age at calving-parity interaction ($i = 1, 2, \dots, 11$); YS_j is the fixed effect of year-season of calving ($j = 1, 2, \dots, 13$); h_k is a random

effect for herd of calving ($k = 1, 2, \dots, 1,462$); and g_l is a random effect for sire ($l = 1, 2, \dots, 873$) or animal ($l = 1, 2, \dots, 101,521$).

Four calving age classes were formed for each of the first 2 parities. Age at first calving was grouped into <27, 27 to 28, 29 to 30, and >30 mo and age at second calving was grouped into <40, 40 to 41, 42 to 44, and >44 mo. For older cows, age-parity classes were parity 3, 4, and 5. Year-season of calving, from January 2007 to February 2009, were formed by combining 2 mo (January and February, and so on). All threshold model analyses were based on a sire model because the extreme category problem (i.e., all observations in individual subclasses are either 0 or 1) tends to cause difficulties in animal models (Sorenson and Gianola, 2002). Linear models were carried out with both a sire and an animal model. The permanent environmental effect, which accounts for the correlation between repeated measures on the same animal, was not included in the models. A preliminary linear animal model analysis including this effect resulted in an estimated permanent environmental variance (SE) of 0.4×10^{-3} (0.6×10^{-3}). This indicates that the permanent environmental effect is negligible so far. This is probably because recording began recently and only a small proportion of the animals had health information from more than 1 lactation.

Random effects were assumed to be normally distributed with zero means, and the covariance structure was

$$\begin{bmatrix} h \\ g \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{I}\sigma_h^2 & 0 \\ 0 & \mathbf{A}\sigma_g^2 \end{bmatrix},$$

where σ_h^2 and σ_g^2 are the herd and genetic (sire or animal) variances, respectively; \mathbf{I} is an identity matrix with order equal to number of herd classes (1,462); and \mathbf{A} is the additive genetic relationship matrix of the 873 sires or 101,521 animals.

The following link functions were applied:

$$\text{probit model, } \eta_{ijkl} = \Phi^{-1}(\mu_{ijkl}),$$

where $\Phi^{-1}(\cdot)$ is the inverse cumulative standard normal distribution function;

$$\text{logit model, } \eta_{ijkl} = \log_e \frac{\mu_{ijkl}}{1 - \mu_{ijkl}}; \text{ and}$$

$$\text{linear model, } \eta_{ijkl} = \mu_{ijkl}.$$

The threshold model postulates an underlying continuous variable, liability, such that the observed binary

response takes value 1 if liability exceeds a fixed threshold and 0 otherwise. The threshold and the residual variance (σ_c^2) are not identifiable, so these parameters were set equal to 0 and 1, respectively. Variance components were estimated with generalized linear mixed models using the AI-REML algorithm in the DMU package (Madsen and Jensen, 2008).

Bayesian Analysis

For comparison, the data were also analyzed with a Bayesian probit threshold model using Gibbs sampling. The RJMC routine implemented in the DMU software (Madsen and Jensen, 2008) was used. Independent uniform priors were assumed for each of the fixed effects and normal prior distributions were assigned for sire (s) and herd (h) effects $s | \mathbf{A}, \sigma_s^2 \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_s^2)$ and $h | \sigma_h^2 \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_h^2)$, respectively, where σ_s^2 and σ_h^2 are the sire and herd variances, respectively; \mathbf{A} is the additive genetic relationship matrix of the 873 sires; and \mathbf{I} is an identity matrix with order equal to number of herd classes (1,462). Inference was based on a chain length of 200,000 samples collected after a burn-in of 5,000 iterations. The sample size and length of burn-in were decided based on the convergence diagnostics of Raftery and Lewis (1992) and on visual inspections of trace plots using the BOA software package (Smith, 2007).

Heritability Estimates

Heritabilities for the different models were calculated as follows:

$$\text{probit model, } h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + 1};$$

$$\text{logit model, } h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + \pi^2/3};$$

$$\text{linear sire model, } h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_h^2 + \sigma_c^2}; \text{ and}$$

$$\text{linear animal model, } h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_h^2 + \sigma_c^2},$$

where σ_s^2 , σ_a^2 , σ_h^2 , and σ_c^2 are the estimated sire, animal, herd, and residual variances, respectively. In case

of the logit link function, heritabilities were calculated by means of a residual variance of $\pi^2/3$ (Southey et al., 2003). Heritability estimates from the linear models were transformed from the observable (0/1) scale to the underlying scale using the classical formula of Dempster and Lerner (1950).

Cross Validation

A 4-fold cross-validation was carried out to assess the predictive ability of the models. The entire data set was split randomly into 4 subsets, with the restriction that in each subset every herd was represented. For cross-validation, 3 of the 4 subsets were used for fitting and prediction (training set) and predictive ability was tested on the remaining subset (testing set). Variance components and solutions of fixed and random effects of each model were reestimated for each of the 4 training sets.

Two criteria were used to compare the predictive ability of the models, the mean squared error (MSE) and the Pearson correlation ($\rho_{\hat{y},y}$) between predicted and observed value. The MSE was calculated as

$$\text{MSE} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i^{(-f)})^2,$$

where y_i is the observed value (0 or 1) in the f th fold; $\hat{y}_i^{(-f)}$ is the predicted value based on data from the other 3 folds; and n is the number of observations in a testing subset. Because the predicted values were on different scales for the different models, they were back transformed to the original scale (probability) using the inverse link function. In the probit model $\hat{y}_i = \Phi(\hat{\eta}_i)$, in

the logit model $\hat{y}_i = \frac{\exp(\hat{\eta}_i)}{1 + \exp(\hat{\eta}_i)}$, and in the linear

model $\hat{y}_i = \hat{\eta}_i$.

Pearson correlation ($\rho_{\hat{y},y}$) was computed as

$$\rho_{\hat{y},y} = \frac{\text{cov}(\hat{y}, y)}{\sigma_{\hat{y}} \sigma_y},$$

where $\text{cov}(\hat{y}, y)$ is the estimate of covariance between predicted and observed values and $\sigma_{\hat{y}}$ and σ_y are the estimates of standard deviations of predicted and observed values, respectively.

RESULTS AND DISCUSSION

Trait Definition and Phenotypic Frequency

In this study CM was considered in the interval from 10 d before to 50 d after calving because preliminary

analysis showed that most genetic variation is found in early lactation, which is in agreement with Lund et al. (1999). As shown in Table 1, mastitis frequencies within lactations ranged from 4.7 to 7.9%. Heringstad et al. (2004) and Negussie et al. (2008b) found higher mastitis frequencies based on veterinary treatments and similar trait definitions. Heringstad et al. (2004) reported mastitis frequencies of 8.8, 9.9, and 13.0% in the interval from 1 d to 30 d after calving for first-, second-, and third-lactation Norwegian Red cows, respectively. In first-lactation Ayrshire cows, Negussie et al. (2008b) found a mastitis frequency of 7.2% in the period from 7 d before to 30 d after calving. In Austria only veterinarians are allowed to initiate mastitis treatments using antibiotics. Also, several measures were applied to ensure reliable reporting within herds. Thus, the lower mastitis frequency in Fleckvieh cattle may partly be caused by differences in the recording system or underreporting of mastitis treatments. As mentioned by Valde et al. (2004), mastitis frequencies may vary considerably depending on the infection level (which is attributed to exposure or lack of exposure to risk factors) and the farmers' treatment strategy (e.g., frequent milking). Another possible explanation is breed differences. Fleckvieh is also the breed with the lowest average SCC (194,167 cells/mL) in Austria (ZuchtData, 2009).

Heritabilities

The results from the Bayesian probit threshold model are given in Table 2, where mean, SD, and 95% credibility intervals of the posterior distributions of variance components and heritability of liability to CM are shown. Differences between herds accounted for about 12.2% of the variation on the underlying scale. This highlights the importance of environmental factors, such as management and hygienic conditions on farms, for mastitis incidence. Although lower than the herd variance, the variation between sires was considerable. The posterior mean (SD) of heritability of liability to CM was 0.06 (0.02). This confirms that in Fleckvieh cattle sufficient genetic variation exists for selection. As illustrated in Figure 1, the posterior distribution of heritability of liability to CM was reasonably sharp and symmetric, but with a longer tail to the right. The heritability estimate is in agreement with results from other studies using probit threshold models, ranging from 0.05 to 0.09 (Heringstad et al., 2004; Negussie et al., 2008a). The corresponding variance components and heritability from the probit threshold model using REML procedures are presented in Table 3. Almost identical results for estimates of variance components and heritability were obtained. With the logit model

Table 2. Posterior mean, SD, and 95% CI (2.5 and 97.5 percentiles) of posterior distribution of sire variance, herd variance, and heritability of liability to clinical mastitis from a Bayesian probit model

Parameter	Mean	SD	95% CI
Sire variance	0.018	0.006	0.008–0.030
Herd variance	0.141	0.015	0.112–0.169
Heritability ¹	0.063	0.020	0.028–0.102

¹Heritability: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_k^2 + 1)$ where σ_s^2 and σ_k^2 are the estimated sire and herd variances, respectively.

(Table 3) a higher heritability of 0.08 was found for CM. However, this result cannot be compared directly with the probit model because the estimates are on a different scale. The estimates of the probit model are on the underlying normal scale, whereas the estimates of the logit model are on the underlying logistic scale. Using logit models, De Haas et al. (2002) and Vazquez et al. (2009) obtained heritabilities of 0.04 and 0.11, respectively, for CM. As expected, the heritability estimates of 0.02 from linear sire and linear animal models (Table 3) were lower. When transformed to the assumed underlying liability scale, heritability estimates were 0.08 and, thus, fairly similar to the threshold model estimates. Overall, the heritability estimates from the linear model analysis were in the range of previous studies. In a review, Heringstad et al. (2000) reported that most heritability estimates of CM from analyses with linear models were between 0.02 and 0.03 based on data from the Nordic health recording systems.

Ranking of Sires

Rank correlations between random effects of sires, with progeny in the data set, from the different models are shown in Table 4. The correlations between sire evaluations among threshold and linear sire models were almost 1 (>0.995). Boettcher et al. (1999) also showed that EBV of sires from threshold and linear sire models were highly correlated (r = 0.98). Further, Heringstad et al. (2003) compared ranking of bulls for CM and found correlations greater than 0.99 between

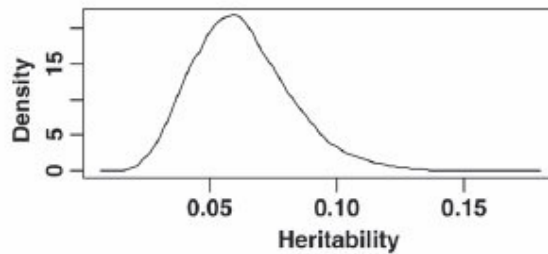


Figure 1. Posterior distribution of heritability [$h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_k^2 + 1)$, where σ_s^2 and σ_k^2 are the estimated sire and herd variances, respectively] of liability to clinical mastitis.

threshold and linear sire models. A slightly lower correlation of 0.94 between sire effects for CM from logit and linear sire models was obtained by Vazquez et al. (2009).

Correlations between any sire model and the linear animal model (Table 4) tended to be slightly lower (r = 0.96). This implies that the effects associated with applying an animal model instead of a sire model were more important than the differences resulting from threshold versus linear model. This is in agreement with results by Boettcher et al. (1999), where correlations of breeding values from sire models (threshold or linear) and linear animal models were considerably lower (r = 0.86 to 0.87) for survival traits. Sun et al. (2009) found rank correlations ranging from 0.95 to 0.97 between linear sire and linear animal models for different fertility traits.

The 10 best and the 10 worst sires from the Bayesian threshold model and their ranking from the other 4 models are presented in Table 5. Selecting the 10 best sires based on any threshold model would have almost no consequence on selection decisions. However, small differences in ranking were observed by applying a linear sire model instead of threshold models. Sires ranked as 12, 13, and 16 in the linear sire model analysis were among the top 10 sires in the Bayesian threshold model. As shown before, the largest difference

Table 3. Restricted maximum likelihood estimates (SE) of variance components and heritability for clinical mastitis from probit and logit threshold sire models and linear sire and linear animal models

Parameter	Probit	Logit	Linear sire	Linear animal
Sire/animal variance	0.017 (0.005)	0.081 (0.024)	0.252×10^{-3} (0.706×10^{-4})	0.102×10^{-2} (0.246×10^{-3})
Herd variance	0.109 (0.011)	0.483 (0.048)	0.178×10^{-2} (0.153×10^{-3})	0.174×10^{-2} (0.153×10^{-3})
Residual variance	—	—	0.505×10^{-1} (0.397×10^{-3})	0.498×10^{-1} (0.434×10^{-3})
Heritability ¹	0.060 (0.018)	0.084 (0.024)	0.019 (0.005)	0.019 (0.005)

¹Probit model: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_k^2 + 1)$; logit model: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_k^2 + \sigma_s^2/\sigma_s)$; linear sire model: $h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_k^2 + \sigma_s^2)$; linear animal model: $h^2 = \sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_k^2 + \sigma_s^2)$. σ_s^2 , σ_k^2 , σ_s^2 , and σ_s^2 are the estimated sire, animal, herd, and residual variances, respectively.

Table 4. Rank (Spearman) correlations between random effects of sires ($n = 201$) for clinical mastitis based on different models

Item	Probit	Logit	Linear sire	Linear animal
Bayesian	0.999	0.998	0.996	0.961
Probit		0.999	0.997	0.962
Logit			0.998	0.963
Linear sire				0.964

was found between sire models and the linear animal model. Although sires 3, 5, and 6 performed very well in all sire models, they were not among the top 10 sires in the animal model analysis. Generally, the ranking of sires across models agreed better among the worst sires than among the best sires. A similar result was obtained by Fuerst-Waltl et al. (2009), who compared the ranking of sires for inter- and cross-sucking in calves between threshold and linear animal models. Further, Carlén et al. (2006) observed in a simulation study that sires with a larger proportion of daughters with CM got more precise breeding values and were ranked more correctly across models (linear, threshold, and survival analysis).

Cross Validation

Posterior means of heritability of liability to CM over training sets ranged from 0.042 to 0.092 for the Bayesian model. Heritabilities using REML procedures were from 0.043 to 0.085 for the probit model, from 0.063 to

0.118 for the logit model, and from 0.014 to 0.029 for linear sire and linear animal models.

Table 6 shows the average (over testing sets) MSE and Pearson correlation between observed and predicted CM, by model. All threshold and linear sire models showed the same predictive ability in terms of both MSE and correlations. This is in accordance with previous studies. Andersen-Ranberg et al. (2005) compared a threshold-linear with a linear-linear model for 56-d nonreturn rate and interval from calving to first insemination and observed very small differences in ability to predict 56-d nonreturn rate between the 2 bivariate models. Similar predictive performance for CM between logit and linear models was also obtained by Vazquez et al. (2009). In a simulation study, Carlén et al. (2006) demonstrated that little was gained by replacing a linear model with a threshold model or even with a survival analysis, where culled cows and incomplete and ongoing records are considered more correctly. Further, Negussie et al. (2008a) showed that the use of multiple-trait models provides a higher increase in accuracy than is achieved by using a threshold model instead of a linear model for CM. However, by comparing a threshold-linear with a linear-linear model for CM and SCC, they found that the threshold-linear model performed slightly better, especially for smaller progeny groups.

In contrast to our expectations, sire and animal models did not differ in predictive ability (Table 6). In Danish Holstein cattle, Sun et al. (2009) showed that

Table 5. The best and worst 10 sires for clinical mastitis based on a Bayesian probit model and their corresponding ranks from probit and logit threshold sire and linear sire and linear animal models using REML

Item	Bayesian	Probit	Logit	Linear sire	Linear animal
Best	1	1	1	1	1
	2	2	2	2	3
	3	3	3	9	22
	4	4	6	4	9
	5	5	5	8	17
	6	8	8	3	28
	7	6	4	13	16
	8	7	7	10	4
	9	10	10	12	21
	10	11	9	16	8
Worst	192	193	195	192	186
	193	192	190	186	183
	194	194	194	193	190
	195	195	193	194	193
	196	196	196	196	198
	197	197	197	197	192
	198	198	199	198	197
	199	199	198	199	199
	200	200	200	200	201
	201	201	201	201	200

Table 6. Average mean squared error (MSE) and Pearson correlation between predicted and observed occurrence of clinical mastitis over testing sets by model

Item	Bayesian	Probit	Logit	Linear sire	Linear animal
Average MSE	0.052	0.052	0.052	0.052	0.052
Average Pearson correlation	0.129	0.136	0.129	0.127	0.128

linear animal models are superior to linear sire models to predict breeding values for fertility traits.

Model Assumptions and Limitations

A disadvantage of the binary response approach is that records in progress cannot be included in the analysis. Also, cows that were culled in the time period under investigation cannot be considered correctly. Survival analysis would be an alternative to overcome these problems. However, in a simulation study only minor differences were found between linear and threshold models and survival analysis (Carlén et al., 2006).

Previous studies also showed that CM cannot be regarded as the same trait throughout lactation (Lund et al., 1999). Therefore, in recent years longitudinal multivariate threshold models (Heringstad et al., 2004) and random regression models (Chang et al., 2004; Carlén et al., 2009) were applied. Analyzing CM throughout lactation in Austrian Fleckvieh cows will be the subject of further studies. Other alternative models for genetic analyses of CM that have been suggested are censored threshold model (Heringstad et al., 2006) and zero-inflated Poisson model (Rodrigues-Motta et al., 2007) for analyses of number of CM cases.

A possible shortcoming of this study is that records from the first 5 lactations were analyzed together because the available data set was small. Although not all cows start with their first parity, it is not expected that the potential selection bias will act differently in the different models. Further, only information from elite sires, which represent a selected group of sires, was available. However, although the correlated trait SCC is included in the total merit index in Austrian Fleckvieh cattle, it is not the main selection criteria. Thus, the known reduction of the genetic variance within the selected group is expected to be limited for CM. Further, in Austria the progeny groups of test bulls are quite small and range between 60 and 80 daughters. In this study the average number of daughters per sire was about twice as high. As shown by Negussie et al. (2008a), threshold models may perform slightly better for smaller progeny groups. However, heritabilities and incidences of CM are rather low. Therefore, to obtain accurate breeding values, testing of larger progeny groups will be more important than the applied methodology and the choice of linear or threshold model.

CONCLUSIONS

The present study shows that the data from the Austrian project "Health monitoring in cattle" based on records of veterinary treatments can be used for genetic evaluation and selection toward better udder health. Generally, heritability of CM is low regardless of whether it is treated as binary or continuous. Similar overall predictive performance was obtained for all tested models. Estimated variance components as well as ranking of sires and predictive ability were similar for probit models carried out with Gibbs sampling and REML procedures. Although linear models ignore the binary nature of disease traits, genetic evaluation of sires obtained with linear and threshold models were highly correlated. Overall, linear models were found to be robust toward departures from normality and performed equally well as threshold models for genetic evaluation of CM in Fleckvieh.

ACKNOWLEDGMENTS

The collaborative work of the project partners in Austria [Federation of Austrian Cattle Breeders including its member organizations of performance recording and breeding (Vienna, Austria), University of Natural Resources and Applied Life Sciences (Vienna, Austria), University of Veterinary Medicine (Vienna, Austria), Chamber of Agriculture (Vienna, Austria), Chamber of Veterinaries (Vienna, Austria), and Coordination Office of Animal Health Organizations (St. Pölten, Austria)] to establish a "Health monitoring system in cattle" and all dairy farmers and veterinarians participating are gratefully acknowledged. This work was financed by the Austrian Federal Ministry of Agriculture, Forestry, Environment and Water Management (Vienna, Austria) and the Federation of Austrian Cattle Breeders (Vienna, Austria). Birgit Fuerst-Waltl was supported by the Austrian Science Foundation (Vienna, Austria; Elise-Richter Program V43-B12).

REFERENCES

- Andersen-Ranberg, I. M., B. Heringstad, D. Gianola, Y. M. Chang, and G. Klemetsdal. 2005. Comparison between bivariate models for 56-day nonreturn and interval from calving to first insemination in Norwegian Red. *J. Dairy Sci.* 88:2190-2198.
- Boettcher, P. J., L. K. Jastrath, and J. C. M. Dekkers. 1999. Comparison of methods for genetic evaluation of sires for survival of their

- daughters in the first three lactations. *J. Dairy Sci.* 82:1034-1044.
- Carlén, E., U. Emanuelson, and E. Strandberg. 2006. Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle using linear models, threshold models, and survival analysis: A simulation study. *J. Dairy Sci.* 89:4049-4057.
- Carlén, E., K. Grandinson, U. Emanuelson, and E. Strandberg. 2009. Random regression models for genetic evaluation of clinical mastitis in dairy cattle. *Anim. J.* 3:1-9.
- Chang, Y. M., D. Gianola, B. Heringstad, and G. Klemetsdal. 2004. Longitudinal analysis of clinical mastitis at different stages of lactation in Norwegian cattle. *Livest. Prod. Sci.* 88:251-261.
- De Haas, Y., H. W. Barkema, and R. F. Veerkamp. 2002. Genetic parameters of pathogen-specific incidence of clinical mastitis in dairy cows. *Anim. Sci.* 74:233-242.
- Dempster, E. R., and I. M. Lerner. 1950. Heritability of threshold characters. *Genetics* 35:212-236.
- Egger-Danner, C., B. Fuerst-Waltl, W. Holzhaecker, R. Janacek, J. Lederer, C. Litzlacher, C. Mader, M. Mayerhofer, J. Miesenberger, W. Obritzhauser, G. Schoder, and A. Wagner. 2007. Establishing a health monitoring system for cattle in Austria: First experiences. Page 363 in *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP*, Dublin, Ireland. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, the Netherlands.
- Fuerst-Waltl, B., B. Rinnhofer, C. Fuerst, and C. Winckler. 2010. Genetic parameters for abnormal sucking traits in Austrian Fleckvieh heifers. *J. Anim. Breed. Genet.* 127:113-118.
- Gianola, D., and J. L. Foulley. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* 15:201-224.
- Gilmour, A. R., R. D. Anderson, and A. L. Rae. 1985. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. *Biometrika* 72:503-509.
- Harville, D. A., and R. W. Mee. 1984. A mixed-model procedure for analyzing ordered categorical data. *Biometrics* 40:393-408.
- Heringstad, B., Y. M. Chang, I. M. Andersen-Ranberg, and D. Gianola. 2006. Genetic analysis of number of mastitis cases and number of services to conception using a censored threshold model. *J. Dairy Sci.* 89:4042-4048.
- Heringstad, B., Y. M. Chang, D. Gianola, and G. Klemetsdal. 2004. Multivariate threshold model analysis of clinical mastitis in multiparous Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 87:3038-3046.
- Heringstad, B., G. Klemetsdal, and J. Ruane. 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: A review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64:95-106.
- Heringstad, B., R. Rekaya, D. Gianola, G. Klemetsdal, and K. A. Welgel. 2003. Genetic change for clinical mastitis in Norwegian cattle: A threshold model analysis. *J. Dairy Sci.* 86:369-375.
- Hoeschele, I., and B. Tier. 1995. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means of Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 27:519-540.
- Lund, M. S., J. Jensen, and P. H. Petersen. 1999. Estimation of genetic and phenotypic parameters for clinical mastitis, somatic cell production deviance, and protein yield in dairy cattle using Gibbs sampling. *J. Dairy Sci.* 82:1045-1051.
- Madsen, P., and J. Jensen. 2008. A User's Guide to DMU. A Package for Analysing Multivariate Mixed Models. Version 6. Release 4.7. Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele, Denmark.
- Negussie, E., I. Strandén, and E. A. Mäntysaari. 2008a. Genetic analysis of liability to clinical mastitis, with somatic cell score and production traits using bivariate threshold-linear and linear-linear models. *Livest. Prod. Sci.* 117:52-59.
- Negussie, E., I. Strandén, and E. A. Mäntysaari. 2008b. Genetic association of clinical mastitis with test-day somatic cell score and milk yield during first lactation of Finnish Ayrshire cows. *J. Dairy Sci.* 91:1189-1197.
- Raftery, A. E., and S. Lewis. 1992. How many iterations in the Gibbs sampler? Pages 763-774 in *Bayesian Statistics 4*. J. M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M. Smith, ed. Oxford University Press, Oxford, UK.
- Rodriguez-Motta, M., D. Gianola, B. Heringstad, G. J. M. Rosa, and Y. M. Chang. 2007. A zero-inflated poisson model for genetic analysis of the number of mastitis cases in Norwegian Red cows. *J. Dairy Sci.* 90:3306-3315.
- Smith, B. J. 2007. *Box: An R package for MCMC output, convergence assessment and posterior inference*. *J. Stat. Softw.* 21:1-37.
- Sorenson, D., and D. Gianola. 2002. *Likelihood, Bayesian and MCMC Methods in Quantitative Genetics*. Springer-Verlag, New York, NY.
- Southey, B. R., S. L. Rodriguey-Zas, and K. A. Leymaster. 2003. Discrete time survival analysis of lamb mortality in a terminal sire composite population. *J. Anim. Sci.* 81:1399-1405.
- Sun, C., P. Madsen, U. S. Nielsen, Y. Zhang, M. S. Lund, and G. Su. 2009. Comparison between a sire model and an animal model for genetic evaluation of fertility traits in Danish Holstein population. *J. Dairy Sci.* 92:4063-4071.
- Valde, J. P., L. G. Lawson, A. Lindberg, J. F. Agger, H. Salonkiemi, and O. Østerås. 2004. Cumulative risk of bovine mastitis treatments in Denmark, Finland, Norway and Sweden. *Acta Vet. Scand.* 45:201-210.
- Vazquez, A. I., D. Gianola, D. Bates, K. A. Welgel, and B. Heringstad. 2009. Assessment of Poisson, logit, and linear models for genetic analysis of clinical mastitis in Norwegian Red cows. *J. Dairy Sci.* 92:739-748.
- ZuchtData. 2009. *Jahresbericht 2009—Zuchtprogramm und Leistungsprüfung*. ZuchtData, Vienna, Austria. <http://www.zar.at/article/articleview/16/1/306> Accessed May 10, 2010.

10.2 Genetische Analyse von Ovulationsstörungen: Ein Vergleich zwischen linearen Modellen und Lebensdaueranalyse

Zusammenfassung

Alle bisher durchgeführten Modelle (threshold, linear) haben den Nachteil, dass Kühe, die im jeweiligen Beobachtungszeitraum abgegangen sind und keine Diagnose aufweisen, nicht korrekt berücksichtigt werden können. Eine Alternative zu diesen Modellen stellt die Survival Analyse dar. Abgegangene Kühe können korrekt in diese Analyse einfließen und noch nicht abgeschlossene Laktationen können ebenfalls berücksichtigt werden.

In dieser Untersuchung wurden lineare Modelle mit der Survival Analyse verglichen. Für das Merkmal Ovulationsstörungen wurden die tierärztlichen Behandlungen von Stillbrunst/Azyklie und Zysten zusammengefasst. Es standen Daten von 23.450 Töchtern von 274 Fleckvieh Stieren zur Verfügung. Beim linearen Model, wurden Ovulationsstörungen als binäres Merkmal (0/1) definiert und im Zeitraum von der Abkalbung bis 150 bzw. 300 Tage nach der Abkalbung berücksichtigt. Bei der Survival Analyse gingen dagegen die Tage

- von der Abkalbung bis zur Behandlung der ersten Ovulationsstörung (unzensierte Datensätze), oder
- von der Abkalbung bis zum Abgangsdatum oder dem letzten Tag unter Beobachtung (150 oder 300 Tage nach der Abkalbung, zensierte Datensätze) in die Analyse ein.

Die Erblichkeiten waren über die verschiedene Methoden und Zeiträume annähernd gleich (0,016 bis 0,020). Obwohl bei der Lebensdaueranalyse abgegangene Kühe korrekt berücksichtigt werden, wurden nur geringfügige Unterschiede in der Rangierung der Stiere festgestellt (Zuchtwertkorrelationen 0,98). Größere Unterschiede in der Rangierung der Stiere wurden dagegen beim Vergleich der beiden Zeiträume festgestellt (Zuchtwertkorrelationen von 0,95 und 0,96). Diese Ergebnisse zeigen, dass die Merkmalsdefinition einen größeren Einfluss auf die Rangierung der Stiere hat als die Methode.

Publikation (eingereicht)

**Genetic evaluation of ovulatory disorders in Austrian
Fleckvieh cows: a comparison between linear models and
survival analysis**

Astrid Koeck,* Birgit Fuerst-Waltl,* Johann Sölkner,* Christa Egger-Danner, † and
Gabor Mészáros*

*Division of Livestock Sciences, Department of Sustainable Agricultural Systems,
University of Natural Resources and Life Sciences, Gregor-Mendel-Str. 33, 1180
Vienna, Austria, †ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Str. 89/19,
1200 Vienna, Austria.

ABSTRACT

The objective of this study was to compare linear models and survival analysis for genetic evaluation of ovulatory disorders, which included veterinary treatments of silent heat/anestrus and cystic ovaries. Data of 23,450 daughters of 274 Austrian Fleckvieh sires were analyzed. For linear model analyses, ovulatory disorders were defined as a binary response (presence or absence) in the period from calving to 150 d or 300 d after calving, respectively. For survival analysis, ovulatory disorders were defined either as the number of days from calving to the day of the first treatment for an ovulatory disorder (uncensored record) or from calving to the day of culling, or the last day of the opportunity period under investigation (150 or 300 d after calving; censored record). Estimates of heritability were very similar (0.016 to 0.020) across methods and opportunity periods. Correlations between sire EBV from linear model and survival analysis were 0.98; whereas correlations from different opportunity periods were lower (0.95 and 0.96). The results showed that length of opportunity period had a larger effect on genetic evaluation than methodology.

Key words: ovulatory disorder, linear model, survival analysis, dairy cattle

INTRODUCTION

In Austria, a nation-wide health monitoring system for cattle was started in 2006 in which diagnoses from veterinarians are recorded (Egger-Danner et al., 2007). The main aims are to provide support for herd management and the prediction of breeding values for health traits.

So far, health traits are only routinely evaluated in the Scandinavian countries based on linear models (Interbull, 2010). For genetic evaluation, health traits are defined as binary traits, based on whether or not the cow had at least one veterinary treatment within a defined period of the lactation (opportunity period). To avoid possible bias due to culling of cows, often only records from early lactation (to 150 d after calving) are considered. However, some cows are culled very early in lactation. Culled cows did not have an equal risk of contracting the disease, because of a shorter period of exposure to the disease than cows with completed records. This will lead to biased prediction of breeding values in genetic evaluations; especially sires that have a larger proportion of culled cows will be favored. Moreover, it would be desirable to

include information about veterinary treatments that occur later in lactation. Survival analysis would be an alternative to overcome this problem, where time to first veterinary treatment or censoring is analyzed.

Genetic studies applying survival analysis for analysis of health traits are limited so far. Carlén et al. (2005) and Sæbø et al. (2005) analyzed time to first mastitis treatment, whereas Hirst et al. (2002) studied time to occurrence of lameness in dairy cattle.

The objectives of this study were to estimate heritabilities for ovulatory disorders by using linear models and survival analysis for two different opportunity periods: from calving to 150 or 300 d after calving, respectively. Further, the impact of the methodology and length of opportunity period on sire rankings for ovulatory disorders were evaluated.

MATERIALS AND METHODS

Data

Health data from Fleckvieh cows were obtained from the Austrian project “Health monitoring in cattle” in which diagnoses from veterinarians have been recorded since July 2006 (Egger-Danner et al. 2007). Recording of health data on farms is currently voluntary. By February 2010, 54% of farmers were participating of which 66% were recording health data (Egger-Danner et al., 2010). To ensure that all cows were from herds actively participating in the health-recording system, only herds with at least one recorded diagnosis (any disease) per 10 cows and year were considered. Additionally records from veterinarians with less than 500 diagnoses were removed. Records from the first five lactations of Austrian Fleckvieh cows calving between January 1st, 2007 and February 3rd, 2009, were included in this study. Age at first calving was restricted between 19 and 43 months and records of animals with a calving interval shorter than 300 d or longer than 800 d were excluded. Only one record per cow was considered (the first), irrespective of parity. The data set was further restricted to include only sires with at least 20 daughters, and herd-year-season classes had to contain at least 3 calving cows. After edits, the final data set included a total of 23,450 cows, from 1,944 herds.

The sire pedigree file had information on sires and maternal grandsires of the 274 bulls with daughters in the data set, traced back 7 generations. The resulting pedigree file contained the relationship of 1,037 males.

Trait Definitions

Ovulatory disorders included veterinary treatments of silent heat/anestrus and cystic ovaries. For linear model analyses, the trait ovulatory disorders was defined as a binary response based on whether or not the cow had at least one veterinary treatment in the period from calving to 150 d or 300 d after calving, respectively. Culled cows were considered as healthy if they had no treatment for an ovulatory disorder.

For survival analysis, a cow with a veterinary treatment for an ovulatory disorder was considered as uncensored, and time to first ovulatory disorder was defined as the number of days from calving to the day of the first treatment for an ovulatory disorder. For a healthy cow, the observation was considered as right censored. For these cows, time was defined as the number of days from calving until 1) the day of culling, or 2) the last day of the opportunity period analyzed (150 or 300 d after calving). A summary statistic of the analyzed traits is given in Table 1.

Statistical Models

The linear sire model for ovulatory disorders was as follows:

$$y_{ijklm} = AGE_i + YS_j + hys_k + s_l + e_{ijklm}$$

where y_{ijklm} is the observation for ovulatory disorders (0 = healthy, 1 = diseased); AGE_i is the fixed effect of age at calving-parity ($i = 1,2,\dots,11$); YS_j is the fixed effect of year-season of calving ($j = 1,2,\dots,9$); hys_k is a random effect for herd-year-season of calving ($k = 1,2,\dots,5262$); s_l is a random effect for sire ($l = 1,2,\dots,1037$); and e_{ijklm} is the random residual effect.

Four calving age classes were formed for each of the first two parities. Age at first calving was grouped into <27, 27 to 28, 29 to 30 and >30 months and age at second calving was classified into <40, 40 to 41, 42 to 44 and >44 months. For older cows

age-parity classes were parities 3, 4 and 5. Seasons were: January-March, April-June, July-September and October-December.

Variance components were estimated using the AI-REML algorithm in the DMU package (Madsen and Jensen, 2008).

As a preliminary analysis for survival analysis, a Cox proportional hazard model was run, and the survivor function was estimated by the Kaplan-Meier method. The $\ln[-\ln(\text{Kaplan-Meier estimate})]$ was plotted against the natural logarithm of time to check whether data followed the Weibull distribution. If the Weibull assumption holds, a straight line should be obtained. As shown in Figure 1, the resulting relationship was not linear for both opportunity periods. Thus, a semi-parametric Cox model was applied, which does not make any assumption about the distribution form of the baseline hazard. The following proportional hazard frailty model was used for the analysis of time to first ovulatory disorder:

$$\lambda_{ijklm}(t) = \lambda_o(t) \exp\{AGE_i + YS_j + hys_k + s_l\}$$

where $\lambda_{ijklm}(t)$ is the hazard of a cow getting an ovulatory disorder; $\lambda_o(t)$ is the baseline hazard function. The other effects, all time-independent, are as described above for linear model analysis. Effects of herd-year-season were assumed to follow a log-gamma (γ) distribution. Sire effects were assumed to follow a multivariate normal distribution.

Survival analysis was carried out using the “Survival Kit” software, version 6.0 (Ducrocq et al., 2010).

Heritability Estimates

For the linear sire model, the heritability was calculated as

$$h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_{hys}^2 + \sigma_e^2}$$

where σ_s^2 , σ_{hys}^2 and σ_e^2 are the estimated sire, herd-year-season and residual variances, respectively.

According to Yazdi et al. (2002), the equivalent heritability (h_{equ}^2) for the survival analysis was defined as

$$h_{equ}^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \Psi^{(1)}(\gamma) + (1/p)}$$

where σ_s^2 is the sire variance, $\Psi^{(1)}$ is the trigamma function, γ is the log-gamma distribution of herd-year-season effects, and p is the proportion of uncensored records.

RESULTS AND DISCUSSION

In this study, veterinary treatments for silent heat/anestrus and cystic ovaries were combined into one category “ovulatory disorders”. A more general disease definition leads to higher frequencies and to a better data structure. Moreover, in a preceding study in Austrian Fleckvieh cows it was found that silent heat/anestrus and cystic ovaries seem to share some of the same genetic background (Koeck et al., 2010).

As shown in Table 1, the frequency of ovulatory disorders was 10.3 % during the first 150 d of lactation. The mean duration of the opportunity period was 133 d, which on a sire basis ranged from 93 to 150 d. Observing the full lactation (300 d), the average frequency of ovulatory disorders increased slightly to 11.6%. The mean duration of the opportunity period was 245 d and ranged from 160 to 295 d between sires. For both opportunity periods, the culling rate was lower for cows with an ovulatory disorder than for cows categorized as healthy. It seems that the diagnosis of ovulatory disorders has a protective effect against culling. Also, Rajala-Schultz and Gröhn (1999) found that cows with a veterinary treatment for anestrus or ovarian cysts were at lower risk of being culled, especially during the stage when the disorder was diagnosed. This is also reasonable, as farmers will keep the cow for some time after the veterinary treatment to see whether she shows heat and conceives.

The observed hazard function derived from the Kaplan-Meier survivor curve is presented in Figure 2. The hazard of a veterinary treatment for ovulatory disorders was almost zero during the first 2 wk after calving. Then, the hazard strongly

increased during the next 8 wk until it reached a maximum at 70 d. After a decrease for further 14 wk, it stayed at a very low level after 170 d.

Estimates of variance components and heritabilities for ovulatory disorders from the linear model analyses are given in Table 2. Heritability estimates were 0.019 and 0.020 for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively. These estimates are in agreement with previous studies. Pösö and Mäntysaari (1996) and Koeck et al. (2010) reported heritability estimates in the range from 0.01 to 0.04 for fertility disorders using linear models.

The corresponding results from the survival analysis are presented in Table 3. For time to first ovulatory disorder, heritabilities of 0.016 and 0.017 were estimated for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively. As the proportions of uncensored records are accounted for in the heritability calculations, these estimates can be compared directly with the results from the linear model analyses. The marginal posterior distributions of the genetic variance are shown in Figure 3. For both traits, the approximate posterior densities of the sire variance were slightly skewed to the right. Other genetic studies applying survival analysis for fertility disorders were not available in the literature.

Table 4 shows rank correlations between sire evaluations from the different models (linear vs. survival) and opportunity periods (150 vs. 300 d). The correlations between sire EBV obtained with linear model and survival analysis were 0.98; whereas correlations between different opportunity periods were lower (0.95 and 0.96). As shown in Figure 4, linear models and survival analysis gave a similar ranking of sires comparing equal opportunity periods. Changes in sire rankings due to the use of different opportunity periods were larger, especially at intermediate rank positions. These results demonstrate that length of opportunity period has a larger effect on sire evaluations than the method used. In Swedish Holstein cows, Carlén et al. (2005) also compared ranking of sires obtained with survival analysis and linear models for genetic evaluation of clinical mastitis. Correlations between EBV were 0.93, 0.89, and 0.88 for first, second and third lactation cows, respectively. However, the results were not fully comparable as different length of opportunity periods were considered for the linear model and survival analysis. In a following simulation study by Carlén et al. (2006), only little differences were observed between linear model and survival analysis for genetic evaluation of mastitis. Correlations between sire true breeding values for mastitis liability and predicted sire breeding values from linear

models and survival analysis were all above 0.99 within observation period, irrespectively of progeny group size.

IMPLICATIONS

Heritability estimates for ovulatory disorders were similar across methods and trait definitions (0.016 to 0.020). Although in survival analysis culled cows are treated properly, which reduces potential bias, sire rankings between linear models and survival analysis were highly correlated. Larger differences in sire rankings were observed by comparing different opportunity periods (150 or 300 d). Thus, for routine genetic evaluation trait definition and the choice of opportunity period will be more important than methodology. The advantage of using only records up to 150 d of lactation is that breeding values would be available earlier. Moreover, the restricted period captured nearly 90% of all veterinary treatments for ovulatory disorders. However, the full period would utilize the complete information available.

LITERATURE CITED

- Carlén, E., M. del P. Schneider, and E. Strandberg. 2005. Comparison between linear models and survival analysis for genetic evaluation of clinical mastitis in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88:797-803.
- Carlén, E., U. Emanuelson, and E. Strandberg. 2006. Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle using linear models, threshold models, and survival analysis: A simulation study. *J. Dairy Sci.* 89:4049-4057.
- Ducrocq, V., J. Sölkner, and G. Mészáros. 2010. Survival Kit v6 - A software package for survival analysis. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany (accepted).
- Egger-Danner, C., B. Fuerst-Waltl, W. Holzhaecker, R. Janacek, J. Lederer, C. Litzllachner, C. Mader, M. Mayerhofer, J. Miesenberger, W. Obritzhauser, G. Schoder, and A. Wagner. 2007. Establishing a health monitoring system for cattle in Austria: first experiences. Page 363 in Book of abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP, Dublin, Ireland. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, the Netherlands.

- Egger-Danner, C., B. Fuerst-Waltl, W. Obitzhauser, A. Koeck, B. Grassauer, R. Janacek, L. Litzllachner, M. Mayerhofer, J. Miesenberger, F. Schallerl, G. Schoder, and A. Wagner. 2010. Availability of health data for breeding purposes - challenges and key factors of success. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany (accepted).
- Hirst, W. M., R. D. Murray, W. R. Ward, and N. P. French. 2002. A mixed-effects time-to-event analysis of the relationship between first-lactation lameness and subsequent lameness in dairy cows in the UK. *Prev. Vet. Med.* 54:191-201.
- Interbull. 2010. Description of national genetic evaluation systems for dairy cattle traits as practiced in different Interbull member countries. http://www-interbull.slu.se/national_ges_info2/framesida-ges.htm. Accessed June 16, 2010.
- Koeck, A., C. Egger-Danner, C. Fuerst, W. Obitzhauser, and B. Fuerst-Waltl. 2010. Genetic analysis of reproductive disorders and their relationship to fertility and milk yield in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. *J. Dairy Sci.* 93:2185-2194.
- Madsen, P., and J. Jensen. 2008. An User's Guide to DMU. A package for analysing multivariate mixed models. Version 6, release 4.7. Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele, Denmark.
- Pösö, J., and E. A. Mäntysaari. 1996. Genetic relationships between reproductive disorders, operational days open and milk yield. *Livest. Prod. Sci.* 46:41-48.
- Rajala-Schultz, P. J., and Y. T. Gröhn. 1999. Culling of dairy cows. Part I. Effects of disease on culling in Finnish Ayrshire cows. *Prev. Vet. Med.* 41:195-208.
- Sæbø, S., T. Almøy, B. Heringstad, G. Klemetsdal, and A. H. Aastveit. 2005. Genetic evaluation of mastitis resistance using a first-passage time model for Wiener processes for analysis of time to first treatment. *J. Dairy Sci.* 88:834-841.
- Yazdi, M. H., P. M. Visscher, V. Ducrocq, and R. Thompson. 2002. Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.* 85:1563-1577.

Table 1. Summary statistic of ovulatory disorders (OD) for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively.

	150 d	300 d
OD frequency, % ¹	10.3	11.6
Opportunity period, mean, d	133	245
Culling rate ² , %	10.7	18.4
Culling rate ² for cows with OD, %	2.2	9.5
Culling rate ² for cows with no OD, %	11.6	19.2

¹Percentage of cows with at least one record of veterinary treatment of ovulatory disorders in the period from calving to 150 or 300 d after calving.

²Culling rate = Percentage of cows culled before the end of the opportunity period.

Table 2. Estimated variance components, heritability (h^2) and standard errors (SE) for ovulatory disorders for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively, from linear models (LM₁₅₀, LM₃₀₀).

	LM ₁₅₀		LM ₃₀₀	
	Estimate	SE	Estimate	SE
Sire variance	0.441 x 10 ⁻³	0.134 x 10 ⁻³	0.521 x 10 ⁻³	0.154 x 10 ⁻³
Herd-year-season variance	0.157 x 10 ⁻¹	0.684 x 10 ⁻³	0.184 x 10 ⁻¹	0.775 x 10 ⁻³
Residual variance	0.758 x 10 ⁻¹	0.795 x 10 ⁻³	0.831 x 10 ⁻¹	0.873 x 10 ⁻³
h^2	0.019	0.006	0.020	0.006

Table 3. Estimated sire variance, parameter of the log-gamma distribution of herd-year-season effects (γ) and equivalent heritability (h_{equ}^2 , SD) for ovulatory disorders for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively, from survival analysis (SA₁₅₀, SA₃₀₀).

	Sire variance	γ	h_{equ}^2
SA ₁₅₀	0.040	2.508	0.016 (0.005)
SA ₃₀₀	0.039	2.034	0.017 (0.006)

Table 4. Rank (Spearman) correlations between random effects of sires (n=274) for ovulatory disorders for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively, from linear models (LM₁₅₀, LM₃₀₀) and survival analysis (SA₁₅₀, SA₃₀₀).

	LM ₁₅₀	LM ₃₀₀	SA ₁₅₀	SA ₃₀₀
LM ₁₅₀	1	0.953	0.979	0.935
LM ₃₀₀		1	0.944	0.980
SA ₁₅₀			1	0.962
SA ₃₀₀				1

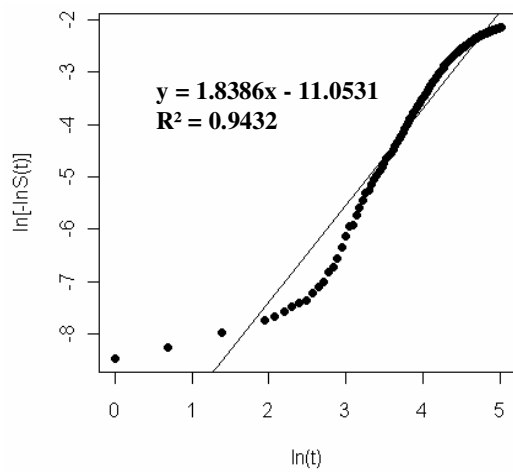
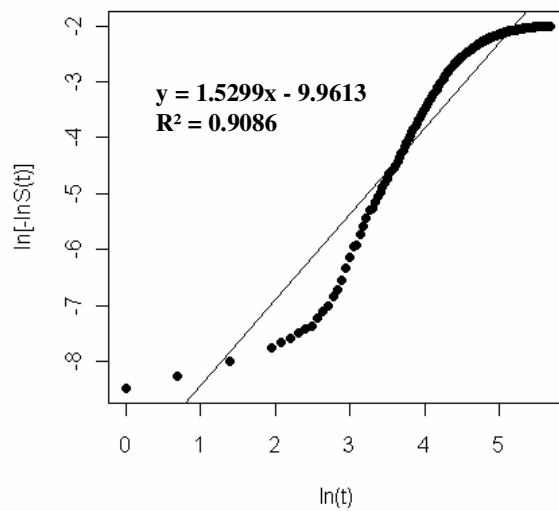
A**B**

Figure 1. Graphical test of the Weibull assumption: linear regression of $\ln[-\ln S(t)]$ on $\ln(t)$. $S(t)$ = Kaplan-Meier estimates of the survivor function at time t a) ending at 150 d after calving; b) ending at 300 d after calving.

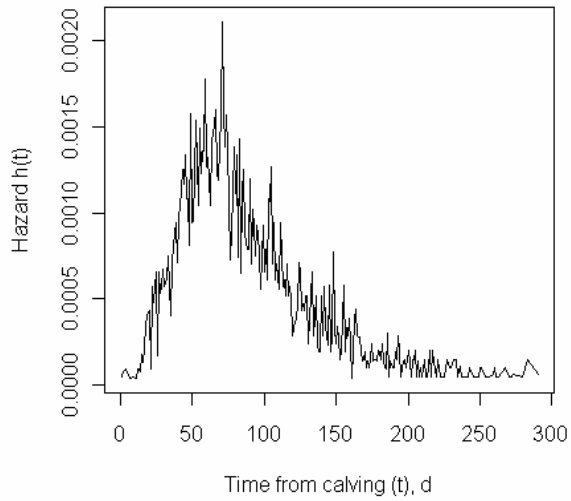


Figure 2. Observed hazard function (derived from the Kaplan-Meier estimate of the survivor curve) of cows from calving to first ovulatory disorder.

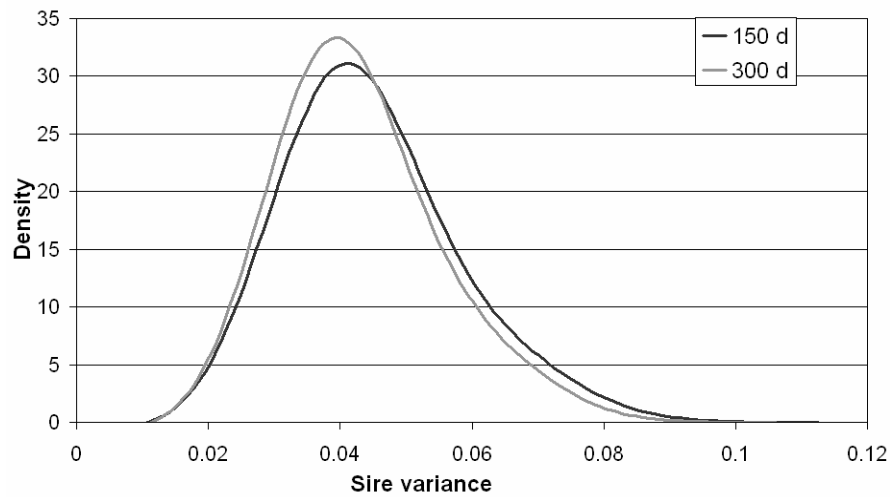


Figure 3. Gram-Charlier approximation of the marginal posterior density of the sire variance for ovulatory disorders for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively.

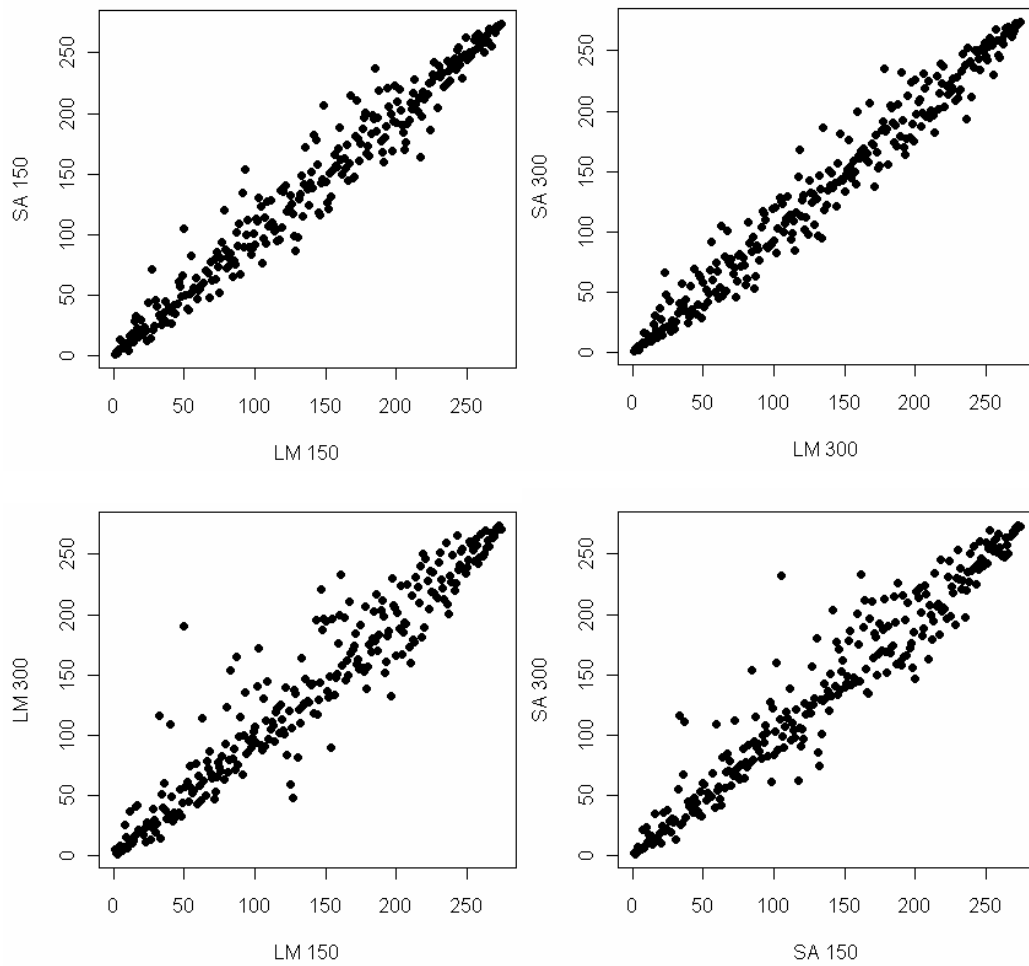


Figure 4. a-d. Pair-wise plots of ranked sire solutions for ovulatory disorders for opportunity periods ending at 150 and 300 d after calving, respectively, from linear models (LM₁₅₀, LM₃₀₀) and survival analysis (SA₁₅₀, SA₃₀₀).

11 Routinezuchtwertschätzung

Seit April 2009 wurden im Rahmen des Projekts Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale für Fleckvieh-Stiere geschätzt und von der ZuchtData den österreichischen Zuchtorganisationen und Züchtern zur Verfügung gestellt. Diese Zuchtwerte waren aber bisher nur als interne Ergebnisse anzusehen und damit inoffiziell. Der Beratende Ausschuss Zuchtwertschätzung hat am 15.6.2010 beschlossen, dass ab Dezember 2010 die Gesundheitszuchtwerte der Fleckvieh-Stiere offizielle Zuchtwerte in der gemeinsamen ZWS Österreich/Deutschland sein werden.

11.1 Daten

Datengrundlage für die ZWS sind tierärztliche Diagnosen von den Arzneimittelabgabe- und Anwendungsbelegen, die im Rahmen des Gesundheitsmonitorings seit 2006 vorerst nur in Österreich erhoben werden. Diese Daten werden entweder elektronisch direkt vom Tierarzt übermittelt oder im Rahmen der Leistungskontrolle von den Kontrollorganen erfasst. Für die ZWS wird überprüft, ob die Kuh im jeweiligen Zeitraum gesund war oder vom Tierarzt behandelt wurde. Wiederholte tierärztliche Behandlungen werden nicht berücksichtigt.

Mit der Datenvalidierung wird gewährleistet, dass nur Daten von Betrieben in die ZWS eingehen, die aktiv am Gesundheitsmonitoring teilnehmen und die Diagnosen weitgehend vollständig vorliegen. Bevor die Diagnosedaten in der Datenbank (Rinderdatenverbund) gespeichert werden, wird eine Plausibilitätsprüfung durchgeführt. Weiters werden verschiedene Datenüberprüfungen durchgeführt, um Betriebe mit unvollständiger Erfassung von Betrieben mit niedriger Frequenz zu unterscheiden. Diese Betriebe werden weitgehend ausgeschlossen bzw. nur der Zeitraum einer validen Datenerfassung für die ZWS berücksichtigt. Es liegt in der Verantwortung des Landwirts, dass die Daten zuverlässig und vollständig sind.

Folgende Merkmale gehen in die Zuchtwertschätzung ein:

- **Mastitis:** akute und chronische Mastitis
-10 bis 150 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Eutererkrankungen im gleichen Zeitraum
- **frühe Fruchtbarkeitsstörungen:** Gebärmutterentzündung, Nachgeburtsverhaltung, puerperale Erkrankungen
bis 30 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Unfruchtbarkeit im gleichen Zeitraum
- **Zysten:**
30 bis 150 Tage nach der Abkalbung
- **Milchfieber (Gebärparese):**
-10 bis 10 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Stoffwechselerkrankungen im gleichen Zeitraum

Es gehen nur Daten von Kühen in die ZWS ein, die während des Beobachtungszeitraums auf einem validierten Betrieb gestanden sind. Bei den abgegangenen Tieren werden nur Kühe berücksichtigt, die zumindest die Möglichkeit hatten bei Mastitis und Zysten bis zum 100. Tag und bei den frühen Fruchtbarkeitsstörungen bis zum 20. Tag unter Beobachtung zu sein. D.h. Kühe, die aufgrund anderer Ursachen abgehen (Leistung, Verkauf zur Zucht, usw.), werden nur dann als gesund berücksichtigt, wenn sie nach dem 100. bzw. 20. Laktationstag abgegangen sind.

In die aktuelle ZWS gingen 5.350 validierte Betriebe mit 143.954 Fleckviehkühen ein. In Tabelle 1 ist ein Überblick über die Anzahl an Datensätzen (Laktationen), die in die Testlauf-ZWS eingegangen sind. Die höchste Frequenz ist mit 9,8% bei der Mastitis festzustellen, wovon die Abgänge wegen Eutererkrankungen ca. 1,5% ausmachen.

Tabelle 1: Anzahlen und Frequenzen im ZWS-Datensatz

	N	Frequenz (%)	davon Abgang (%)
Mastitis	223.350	9,8	1,47
Frühe Fru.störungen	252.540	5,0	0,04
Zysten	219.225	5,4	
Milchfieber	258.288	2,4	0,22

11.2 Modell

Die Zuchtwertschätzung wird mit einem univariaten BLUP-Tiermodell mit dem Programmpaket MiX99 (Lidauer et al., 2008) durchgeführt. Die Sicherheitsberechnung erfolgt mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2001) nach dem Ansatz von Tier und Meyer (2004).

Folgende Einflussfaktoren werden in der ZWS berücksichtigt:

- Laktation(1-5+)*Kalbealter(6 Klassen in 1. und 2. Laktation)
- Kalbejahr*Kalbemonat
- Erfassungsart*Kalbejahr
- Betrieb*Kalbejahr (zufällig)
- permanente Umwelt Tier (zufällig)
- genetischer Effekt Tier

Mit dem Effekt Erfassungsart wird die Art der überwiegenden Erhebungsmethode am Betrieb (elektronisch oder vom Kontrollorgan) berücksichtigt. Werden mehr als die Hälfte der Diagnosen auf einem Betrieb pro Jahr vom Kontrollorgan erfasst, geht das Kontrollorgan direkt in die ZWS ein. Kontrollorgane mit weniger als 5 Betrieben werden in einer Klasse zusammengefasst. Kommt der überwiegende Teil der Diagnosen elektronisch vom Tierarzt, so werden diese in eine Klasse zusammengefasst, nur bei Betrieben über 20 Kühen wird noch zwischen 50-75% und über 75% elektronisch unterschieden.

11.3 Genetische Parameter

Die Heritabilitäten wurden anhand eines Subdatensatzes (ca. 45.000 Laktationen) mit dem Programm VCE (Groeneveld et al., 2008) auf Basis eines BLUP-Tiermodells für die ZWS neu geschätzt (Tabelle 2).

Tabelle 2: Heritabilitäten

	Anzahl	Heritabilität	Standardfehler
Mastitis	41.149	2,0	0,36
Frühe Fru.störungen	45.869	2,3	0,33
Zysten	40.468	4,6	0,32
Milchfieber	46.824	3,6	0,29

11.4 Veröffentlichung

Die Zuchtwerte werden wie gewohnt auf einen Mittelwert von 100 und eine Streuung von 12 Punkten aufgrund der wahren genetischen Standardabweichung eingestellt. Die Basis stellen ebenfalls die 8 bis 10 Jahre alten Stiere dar. Zu beachten ist, dass die Skala gedreht wurde, damit höhere Werte züchterisch wünschenswert sind.

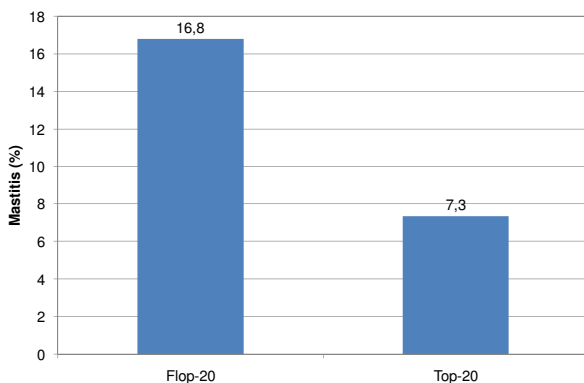
Die Zuchtwerte werden ab einer Sicherheit von 30% ausschließlich für Stiere veröffentlicht. Derzeit gehen die Gesundheits-Zuchtwerte weder in den Fitnesswert noch in den Gesamtzuchtwert ein. Diesbezüglich sind noch weitere Arbeiten geplant (z.B. Eutergesundheitsindex, Fruchtbarkeitsindex).

In Tabelle 3 sind einige Statistiken zu den geschätzten Zuchtwerten hinsichtlich Mittelwerten und Streuungen auch im Vergleich zur bisherigen ZWS dargestellt. Aus der Tabelle ist ersichtlich, dass im Vergleich zu den internen ZWS-Läufen (alt) durch die neue Datenvalidierung, das Modell und die neue Sicherheitsberechnung bzw. –grenze wesentlich mehr Stiere Zuchtwerte bekommen.

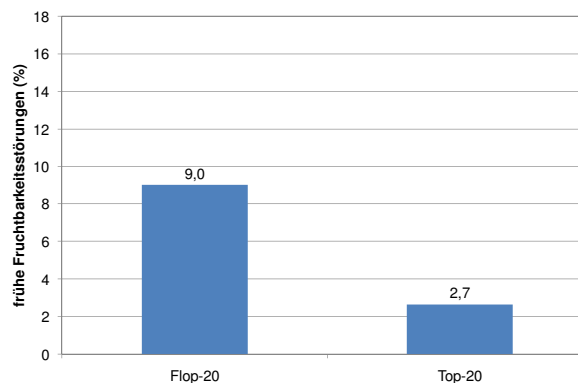
Tabelle 3: Statistiken zu den geschätzten Zuchtwerten

Merkmal	Anzahl	Mittel	Std.abw.	Minimum	Maximum
Mastitis (Mas)	1.431	100,4	7,6	70	124
Frühe FRU (fFru)	1.609	99,5	7,5	68	125
Zysten (Zyst)	2.061	100,0	9,4	57	131
Milchfieber (Mifi)	2.003	99,8	8,9	51	133
Sicherheit-Mas	1.431	44,6	16,2	30	98
Sicherheit-fFru	1.609	45,2	16,3	30	98
Sicherheit-Zyst	2.061	49,3	17,1	30	99
Sicherheit-Mifi	2.003	48,2	16,9	30	99
Mas (>50% Si.)	362	99,9	9,4	70	124
fFru (>50% Si.)	412	99,7	8,9	68	125
Zyst (>50% Si.)	772	100,1	10,4	57	131
Mifi (>50% Si.)	663	99,7	10,3	51	133
Mastitis-alt	278	99,8	7,6	80	124
Fru.stör.-alt	219	99,4	8,6	73	121
Milchfieber-alt	249	100,2	8,5	77	118

Die Bandbreite der den Zuchtwerten zugrunde liegenden Krankheitsdaten ist in Abbildung 1 zu sehen. Daraus ist ersichtlich, dass große genetische Unterschiede zwischen den besten und schlechtesten Stieren bestehen. Die Differenzen liegen je nach Merkmal zwischen ca. 6 und 10% Krankheitsfällen zwischen den besten und schlechtesten 20 Stieren nach geschätztem Zuchtwert.



Mastitis (n=329)



Frühe Fruchtbarkeitsstörungen (n=373)

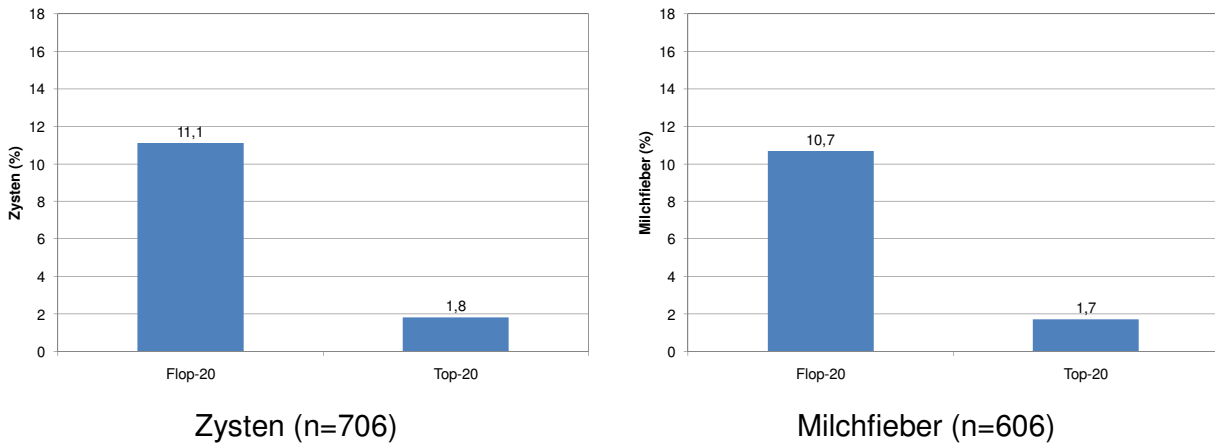


Abbildung 1: Durchschnittliche Krankheitsfrequenzen der besten und schlechtesten Stiere nach geschätztem ZW (mind. 50% Sicherheit und mind. 10 Datensätze)

Der genetische Trend (Abbildung 2) kann für alle Merkmale als weitgehend stabil angesehen werden, wenngleich das aufgrund der sehr kurzen Zeitspanne an vorliegenden Diagnosedaten nur wenig aussagekräftig ist.

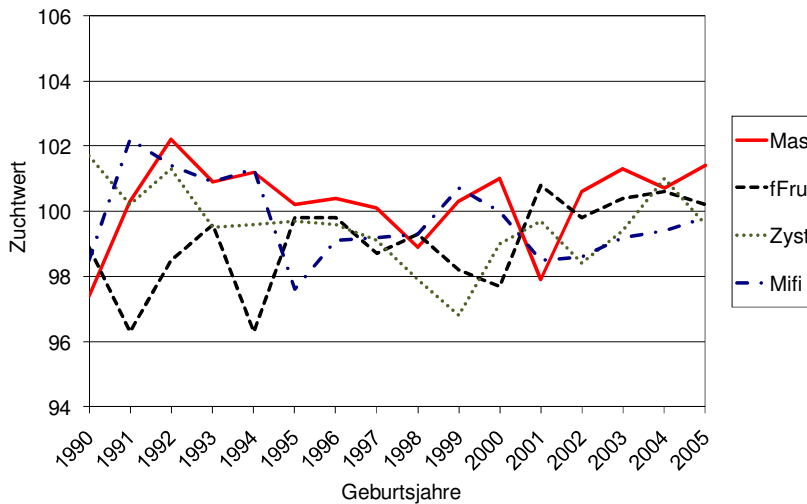


Abbildung 2: Genetischer Trend der Fleckvieh-Stiere

Aufgrund der relativ geringen Anzahl an Töchtern im Gesundheitsmonitoring aus dem Testeinsatz pro Stier bekommen nur sehr wenige junge Stiere offizielle Zuchtwerte (Abbildung 3). Bei einer Sicherheitsgrenze von 50% (Abbildung 4) reduziert sich diese Anzahl noch einmal deutlich.

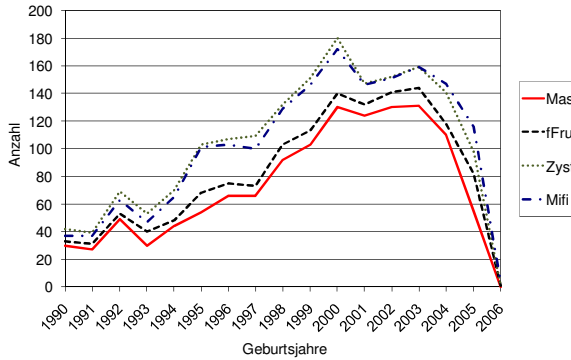


Abbildung 3: Entwicklung der Anzahl Stiere mit Sicherheit >30%

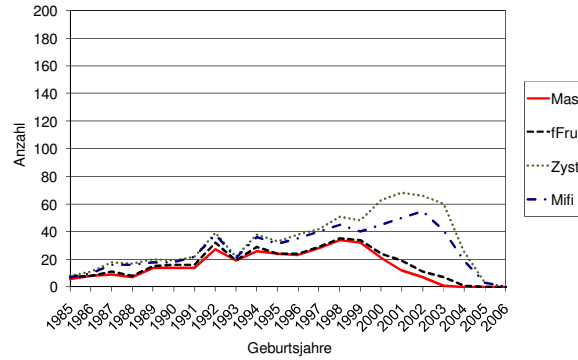


Abbildung 4: Entwicklung der Anzahl Stiere mit Sicherheit >50%

11.5 Änderungen im Vergleich zu den internen ZWS-Läufen

Im Vergleich zu den Zuchtwerten, die bis zum August zur Verfügung gestellt wurden, gibt es sehr große Veränderungen im gesamten ZWS-Ablauf, die naturgemäß deutliche Änderungen in den geschätzten Zuchtwerten bewirken.

- **neue Definition der Merkmale:**

Beim Merkmal Mastitis wurde der Beobachtungszeitraum von -10 bis 50 Tage nach der Abkalbung auf 150 Tage nach der Abkalbung ausgeweitet. Die Fruchtbarkeitsstörungen wurden bisher als ein Merkmal aufgefasst, aktuell aber auf frühe Störungen und Zysten aufgeteilt, wodurch die Metritis zum Teil wegfällt und die Abgänge wegen Unfruchtbarkeit größtenteils nicht zum Tragen kommen.

- **neue Validierung der Daten:**

Die Datenvalidierung war bisher strenger, sodass sich aktuell die Datenmenge sehr stark vergrößert hat (Mastitis +30%, Fruchtbarkeit +65%, Milchfieber +40%). Der weniger strengen Validierung wird durch ein entsprechend angepasstes Modell Rechnung getragen.

- **neues ZWS-Verfahren und Modell:**

Bisher wurde ein Schwellenwert(Threshold)-Vatermodell für die ZWS verwendet. Durch die deutlich geänderte Datenvalidierung musste das Modell um die Erfassungsart ergänzt werden. Dadurch ist es mit einem

Schwellenwertmodell zu Konvergenzproblemen gekommen, sodass (wie auch in Skandinavien angewendet) auf ein lineares Modell umgestellt wurde.

- **neue genetische Parameter:**

Durch das neue Modell und die neue Datenvalidierung mussten die Heritabilitäten neu geschätzt werden. Die Erblichkeitswerte mit einem Schwellenwert-Vatermodell liegen deutlich höher (Koeck et al. 2010). Diese sind allerdings nicht direkt vergleichbar, weil sie auf einer anderen Skala ausgedrückt werden. Die auch von Koeck et al. 2010 geschätzten Erblichkeiten mit dem linearen Tiermodell wurden bestätigt bzw. liegen aktuell etwas höher.

- **neue Mindestsicherheit:**

Die Sicherheitsberechnung erfolgt jetzt passend zum verwendeten ZWS-Modell und fällt dadurch allerdings im Schnitt niedriger aus als bisher. Bisher wurden die ZWe mit mind. 60% Sicherheit (bei Milchfieber mind. 100 Töchter) veröffentlicht, jetzt ab 30% ähnlich der Regelung bei den anderen Merkmalen.

Aufgrund der genannten zahlreichen Umstellungen und Verbesserungen fallen die ZW-Korrelationen zwischen aktuellem Testlauf und den internen Zuchtwerten vom August entsprechend niedrig aber nachvollziehbar aus (Tabelle 4).

Tabelle 4: ZW-Korrelationen zwischen den Zuchtwerten vom August und dem Testlauf

	Mas	fFru	Zyst	Mifi
Mastitis-alt	0,76			
Fru.stör.-alt		0,65	0,68	
Milchfieber-alt				0,85

11.6 Fazit

Die offizielle Veröffentlichung der Gesundheitszuchtwerte stellt einen weiteren Meilenstein in der ZWS und in der Zucht auf Fitness und Gesundheit dar. Die Daten wurden im Rahmen des Gesundheitsmonitorings Rind in Österreich in den letzten

Jahren ausführlich wissenschaftlich analysiert und eine Gesundheits-ZWS entwickelt. Weitere notwendige Weiterentwicklungen betreffen vor allem die korrekte Einbeziehung in den Gesamtzuchtwert und die Entwicklung von Eutergesundheits- und Fruchtbarkeitsindices. Sobald Daten aus Deutschland vorliegen, wird auch eine Überprüfung der Modelle notwendig sein. Entscheidend für die längerfristige Qualität der Gesundheitszuchtwerte ist die möglichst flächendeckende, vollständige Erfassung der Diagnosen.

Für die anderen Rassen stehen derzeit noch zu wenige Daten für die Zuchtwertschätzung zur Verfügung. Für die Rasse Braunvieh wäre eine breite Beteiligung speziell in Tirol und Vorarlberg sehr wertvoll.

12 Wirtschaftliche Gewichte

Ziel des vorliegenden Projektteiles ist die Ableitung wirtschaftlicher Gewichte für die Gesundheitsmerkmale frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Milchfieber.

Die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte erfolgt mit einem Herdenmodell. Das entsprechende Computerprogramm wurde ursprünglich von Amer et al. (1996) für die Optimierung von Managemententscheidungen in Rinder haltenden Betrieben geschrieben und von Miesenberger (1997) für die Schätzung wirtschaftlicher Gewichte österreichischer Rinderrassen adaptiert. Eine detaillierte Beschreibung des verwendeten Modells gibt Miesenberger (1997) in seiner Dissertation bzw. im Abschlussbericht des vom BMLFUW geförderten Projektes L895/94 "Zuchtzieldefinition und Indexselektion in der österreichischen Rinderzucht". Das Programm wurde von Lind (2007) um das Merkmal Zellzahl erweitert. Mit der Zellzahl wurde auch die Mastitis berücksichtigt. Das relative wirtschaftliche Gewicht der Zellzahl inklusive Mastitis beträgt derzeit beim Fleckvieh 9,7% (€ 21,36 pro genetischer Standardabweichung). Für frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten sowie Milchfieber lagen bislang noch keine wirtschaftlichen Gewichte vor. Daher wurde das Programm im Rahmen dieses Projektes auch um diese Merkmale erweitert.

12.1 Frühe Fruchtbarkeitsstörungen

Aus dem aktuellen Gesundheitsdatensatz wurden Inzidenzen berechnet. Diese betragen beim Fleckvieh für frühe Fruchtbarkeitsstörungen (Nachgeburtshaltung, Metritis und puerperale Erkrankungen) 19,8%. Die Kosten für eine Diagnose wurden auf Grund von Angaben von Tierärzten wie folgt angenommen:

- 42 € Behandlungskosten
- 45 € Medikament
- 31 € Nachbehandlung
- 45 min Arbeitszeit für den Landwirt á 12,50 € pro Stunde
- Anteil Nachbehandlungen im Schnitt 300%

Dies ergibt Kosten von € 219,17 für eine Erstdiagnose für diese Krankheiten.

Tabelle 1: Berechnung des Grenznutzens (Differenz zwischen Profit in der Ausgangs- und Vergleichssituation pro Prozent Änderung der Frequenz) und des wirtschaftlichen Gewichtes für frühe Fruchtbarkeitsstörungen beim Fleckvieh

	Frequenz	Grenznutzen	Genetische Standardabweichung (s_a , in%)	Wirtschaftliches Gewicht/ s_a	
Frühe Fruchtbarkeitsstörungen	20,8				
	19,8	2,4			
		2,41	2,40	3,89	9,34
	18,8				
	17,8	2,4			

Mit einem Grenznutzen von € 2,40 pro % Frühe Fruchtbarkeitsstörungen (Tabelle 1) ergibt sich bei einer genetischen Standardabweichung von 3,89% ein wirtschaftliches Gewicht von € 9,34.

12.2 Zysten

Die Inzidenzen für Zysten betragen beim Fleckvieh 12,8%. Die Kosten für eine Diagnose wurden folgendermaßen angenommen:

42 € Behandlungskosten

9 € Medikament

10 min Arbeitszeit für den Landwirt á €12,50 pro Stunde

Anteil Nachbehandlungen im Schnitt 6%

Dies ergibt Kosten von € 56,30 für eine Erstdiagnose für Zysten. Mit Hilfe dieser Daten wurde ein Grenznutzen von € 0,61 pro Prozent Zysten bzw. ein wirtschaftliches Gewicht von € 4,09 pro genetischer Standardabweichung abgeleitet (Tabelle 2).

Tabelle 2: Berechnung des Grenznutzens (Differenz zwischen Profit in der Ausgangs- und Vergleichssituation pro Prozent Änderung der Frequenz) und des wirtschaftlichen Gewichtes für Zysten beim Fleckvieh

	Frequenz	Grenznutzen	Genetische Standardabweichung (s_a , in%)	Wirtschaftliches Gewicht/ s_a
Zysten	13,8			
		0,61		
	12,8	0,62	0,61	6,71
	11,8			4,09
	10,8	0,61		

12.3 Milchfieber

Die Inzidenz für Milchfieber betrug beim Fleckvieh 5,6%, folgende Kosten für eine Diagnose wurden unterstellt:

- 54 € Behandlungskosten
- 41 € Medikament
- 30 € Labor
- 60 min Arbeitszeit für den Landwirt á € 12,50 pro Stunde
- 50% Nachbehandlungen

Tabelle 3: Berechnung des Grenznutzens (Differenz zwischen Profit in der Ausgangs- und Vergleichssituation pro Prozent Änderung der Frequenz) und des wirtschaftlichen Gewichtes für Milchfieber beim Fleckvieh

	Frequenz	Grenznutzen	Genetische Standardabweichung (s_a , in%)	Wirtschaftliches Gewicht/ s_a
Milchfieber	6,6			
		1,88		
	5,6	1,87	1,88	3,51
	4,6			6,60
	3,6	1,88		

Dies ergibt Kosten von € 170,75 pro Erstbehandlung. Die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte geht aus Tabelle hervor. Bei einem Grenznutzen von € 1,88 pro % Milchfieber ergibt sich ein wirtschaftliches Gewicht von € 6,60 pro genetischer Standardabweichung (Tabelle 3).

12.4 Literatur

- Amer, P.R., Kaufmann, A., Künzi, N. (1996). Breed choice and pricing system implications for farmers and political institutions from a Swiss cattle farm model. In: J.B. Dent, M.J. McGregor and A.R. Sibbald (eds.) Livestock farming systems. Research, development, socio-economics and the land manager. EAAP Publ. No. 79, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands, pp 253-258.
- Miesenberger, J. (1997). Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht. Dissertation, Universität für Bodenkultur. Wien, Österreich.
- Lind, B. (2007). Ableitung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten und optimalen Indexgewichte des Gesamtzuchtwertes für die deutschen Milch- und Zweinutzungsrasen unter Berücksichtigung aktueller und erwarteter zukünftiger Rahmenbedingungen. Dissertation, Georg-August-Universität Göttingen, Deutschland.

13 Zuchtplanungsrechnungen

13.1 Einleitung

Das Zuchtprogramm und dessen Umsetzung bestimmt ganz entscheidend die Wirtschaftlichkeit der Rinderzucht für den einzelnen Bauern, aber auch die Wettbewerbsfähigkeit der heimischen Rinderzucht am internationalen Markt.

Hier spielen die Zuchtfortschritte in den verschiedenen Merkmalen eine wesentliche Rolle.

Verschiedene Umfragen zeigen (Miesenberger, 2009; Straif, 2010; Winkler, 2010), dass sich die Züchter im Durchschnitt in den nächsten Jahren bei der Milch nur moderate Zuchtfortschritte, hingegen in den komplexen Fruchtbarkeit, Eutergesundheit und Fundament deutliche Verbesserungen erwarten.

Durch das Projekt Gesundheitsmonitoring Rind stehen erstmals in Österreich Diagnosedaten für die züchterische Berücksichtigung zur Verfügung. Im Rahmen des Projektes wurden genetische Parameter geschätzt und die Korrelationen zu den bereits bestehenden Fitnessmerkmalen analysiert. Mittels Zuchtplanungsrechnungen soll die Auswirkung der Berücksichtigung von direkten Gesundheitsmerkmalen im Gesamtzuchtwert auf die einzelnen Merkmale analysiert werden. Weiters soll geprüft werden, mit welchen Maßnahmen gezielt Zuchtfortschritt in den Merkmalen Fruchtbarkeit und Eutergesundheit erreicht werden kann.

13.2 Datenmaterial

13.3 Methode und Parameter

13.3.1 Allgemein

Ziel von Zuchtplanungsrechnungen ist es, den Effekt von Zuchtmaßnahmen zu quantifizieren und den Erfolg von Zuchtprogrammen zu optimieren. Simulationsmodelle zur Zuchtplanung können nicht nur der Alternativensuche,

sondern auch als Prognosehilfsmittel dienen, da sie die Wirkung eines Zuchtprogrammes, d. h. den zu erwartenden züchterischen Erfolg, Ertrag und Aufwand eines alternativen Zuchtprogrammes abzuschätzen vermögen. Mit Hilfe dieser Modelle können die genetischen und ökonomischen Auswirkungen einzelner züchterischer Maßnahmen untersucht werden.

Alle Modellrechnungen in dieser Arbeit wurden mit dem Computerprogramm ZPLAN (Willam et al., 2008) durchgeführt. Die Annahmen basieren auf dem Zuchtprogramm „Fleckvieh AUSTRIA“, das im Zuge des Forschungsprojekts L 1087/97 „Optimierung der Zuchtprogramme Fleckvieh und Braunvieh“ (Egger-Danner et al., 2000), mit Vertretern der Zuchtorganisationen ausgearbeitet worden ist.

13.3.2 Bewertungskriterien

In den Modellrechnungen werden die alternativen Zuchtprogrammvarianten nach folgenden Kriterien bewertet:

- **Zuchtfortschritt:** Die durchschnittliche Überlegenheit der Nachkommen der selektierten Tiere gegenüber den Tieren der Ausgangspopulation. Der Zuchtfortschritt wird in naturalen Einheiten für die einzelnen Merkmale oder in monetären Einheiten pro Jahr (natZF/J bzw. monZF/J) ausgedrückt und bezieht sich nur auf die Tiere in der Zuchtstufe. Die Werte beziehen sich auf ein Jahr und gelten nur für den Zuchtbereich (natZF/J). Der monetäre Zuchtfortschritt (monZF/T) errechnet sich aus der Multiplikation der naturalen Zuchtfortschritte der Einzelmerkmale mit den jeweiligen Grenznutzen.
- **Züchtungsertrag:** Im Gegensatz zum Zuchtfortschritt bezieht sich der Züchtungsertrag (ZE), ausgedrückt in monetären Einheiten, immer auf die gesamte Population und auf die gesamte Investitionsperiode (in den Modellrechnungen 20 Jahre). Er beschreibt den monetären Ertrag pro Kuh in der Population, der aufgrund der züchterischen Maßnahmen in der Zuchtstufe in der Investitionsperiode erwartet werden kann.
- **Züchtungsgewinn:** Der Züchtungsgewinn (ZG) errechnet sich aus der Reduktion des Züchtungsertrages um die Züchtungskosten, die sich aus Fixkosten und variablen Kosten zusammensetzen. Er bezieht sich ebenfalls auf den gesamten Investitionszeitraum und auf die gesamte Population.

Grundsätzlich ist zur Interpretation der Ergebnisse der Zuchtplanungsrechnungen folgendes anzumerken: Die von ZPLAN berechneten absoluten Werte für Zuchtfortschritt pro Jahr, Züchtungsertrag und Züchtungsgewinn sind direkt abhängig von der Qualität der Eingabeparameter, für die teilweise nur geschätzte Annahmen vorliegen. Die Stärke dieses Computer-Programms liegt insbesondere in der relativen Vergleichbarkeit von Zuchtprogramm-Varianten und in seiner Flexibilität. ZPLAN liefert Entscheidungs-Grundlagen und/oder Entscheidungs-Hilfen für züchterische Maßnahmen. Die Ergebnisse können natürlich nur dann realisiert werden, wenn die unterstellten Maßnahmen in der züchterischen Praxis umgesetzt werden

13.3.3 Selektionsindex

Die Parameter entsprechen den von der ZAR für die Zuchtwertschätzung verwendeten Werten. Die wirtschaftlichen Gewichte wurden auf Basis eines Herdenumtriebsmodells abgeleitet und sind in Euro pro s_A angegeben (siehe Kapitel wirtschaftliche Gewichte). Eine detaillierte Beschreibung des Gesamtzuchtwertes findet sich bei Miesenberger (1997).

In Tabelle 1 ist der Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh dargestellt. Im Jahr 2008 wurde die paternale und die maternale Fruchtbarkeit (NR90) im GZW durch einen Index mit Merkmalen für die maternale Fruchtbarkeit (NR56 und Verzögerungszeit jeweils Kalbin und Kuh) ersetzt. Diese Variante FV-GZW-2008 ist die Ausgangsvariante für die Berechnungen.

Tabelle 1: Genetische Standardeinheiten (s_A) und wirtschaftliche Gewichte (wG) pro s_A in EUR und relative Gewichtung der Merkmale im Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh der Varianten FV-GZW-FRU-2008 und FV-GZW-GMON-2010

Merkmal	FV-GZW-FRU-2008				FV-GZW-GMON-2010					
	$s(a)$	$wG^* s(a)$	%	%	$s(a)$	$wG^* s(a)$	%	%		
Milch	Fkg	kg	21,9	9,86	4,5	37,9	21,9	9,86	4,2	35,7
	Ekg	kg	16,4	73,80	33,4		16,4	73,80	31,5	
Fleisch	NTZ	g	26,5	16,08	7,3	16,5	26,5	16,08	6,9	15,6
	AUS	%	1,15	10,20	4,6		1,15	10,20	4,4	
Fitness	HKL	Klasse	0,25	10,20	4,6		0,25	10,20	4,4	
	ND	Tag	180	29,64	13,4	43,7	180	29,64	12,6	46,9
	PEFS	Pkte	12	4,32	2,0		12	4,32	1,8	
	FRU-I	Pkte	12	15,00	6,8		12	28,43	12,1	
	KVLp	Klasse	0,22	4,08	1,8		0,22	4,08	1,7	
	KVLm	Klasse	0,22	4,08	1,8		0,22	4,08	1,7	
	TOTp	%	4	9,00	4,1		4	9,00	3,8	
TOTm	%	4	9,00	4,1		4	9,00	3,8		
MBK	ZZ	Pkte	12	21,36	9,7		12	21,36	9,1	
	DMG	Pkte	12	4,32	2,0	2,0	12	4,32	1,8	1,8
			220,94		100,0					

In der Variante FV-GZW-GMON-2010 wurden ein **Fruchtbarkeits-** und ein **Eutergesundheits-Index** mit direkten Gesundheitsmerkmalen berücksichtigt.

Merkmalsdefinitionen für die direkten Gesundheitsmerkmale

Für folgende Merkmale werden Gesundheitszuchtwerte geschätzt.

- **Mastitis:** akute und chronische Mastitis
-10 bis 150 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Eutererkrankungen im gleichen Zeitraum
- **frühe Fruchtbarkeitsstörungen:** Gebärmutterentzündung, Nachgeburtsverhaltung, puerperale Erkrankungen
bis 30 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Unfruchtbarkeit im gleichen Zeitraum
- **Zysten:**
30 bis 150 Tage nach der Abkalbung
- **Milchfieber (Gebärparese):**
-10 bis 10 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Stoffwechselerkrankungen im gleichen Zeitraum

In den Zuchtplanungsrechnungen werden jedoch nur die Merkmale Mastitis und frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten berücksichtigt (siehe Kapitel Routine-ZWS).

Fruchtbarkeits-Index:

Im Fruchtbarkeitsindex wurden zusätzlich zu den bestehenden Merkmalen der Fruchtbarkeit maternal (NR56 Kalbin und Kuh, Verzögerungszeit Kalbin und Kuh) die Merkmale frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten integriert.

Die wirtschaftlichen Gewichte für Fruchtbarkeitsstörungen betragen 9,34 Euro pro genetischer Standardabweichung, bei den Zysten 4,09 Euro.

Eutergesundheits-Index:

Der Eutergesundheits-Index besteht aus der Mastitis, Zellzahl und den Merkmalen Euternote, Euterboden, Voreuteraufhängung und Strichstellung.

Für den Eutergesundheits-Index wurde das wirtschaftliche Gewicht in Summe nicht verändert, da bereits beim wirtschaftlichen Gewicht für die Zellzahl die Mastitis mitberücksichtigt wurde.

Die unterstellten genetischen bzw. phänotypischen Korrelationen zwischen den Merkmalen und die Heritabilitäten der Merkmale sind im Anhang dargestellt.

13.4 Populationsparameter, biologisch-technische Parameter, Informationen für die Zuchtwertschätzung, Kosten

Diese Parameter entstammen dem Forschungsprojekt L 1087/97 „Optimierung der Zuchtprogramme Fleckvieh und Braunvieh“. Die Daten stammen aus der Milchleistungsprüfung, Berechnungen der ZAR, Analysen im Rahmen des Forschungsprojektes L 1087/97 und Angaben der Geschäftsführer der Zuchtverbände. Die Anzahl selektierter Altstiere und Teststierväter entsprechen dem gemeinsamen Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA.

Für die Berücksichtigung der Gesundheitsmerkmale wurde angenommen, dass die Gesundheitsdaten von allen Betrieben unter Leistungsprüfung erhoben werden. Daher ist auch die Anzahl der Informationen für die Zuchtwertschätzung vergleichbar mit den anderen Fitnessmerkmalen. In der Realität ist derzeit die Anzahl der Nachkommen mit Gesundheitsinformationen für die Zuchtwertschätzung deutlich geringer.

Bei den ausländischen Stieren wurde nicht berücksichtigt, dass aktuell von diesen Stieren noch keine Gesundheitsdaten in die Zuchtwertschätzung einfließen.

13.3.4 Ablaufdiagramm des Zuchtprogrammes Fleckvieh AUSTRIA

Abbildung 1 zeigt das Ablaufdiagramm des Zuchtprogrammes Fleckvieh AUSTRIA, in dem die wichtigsten Selektionsschritte und Selektionsintensitäten dargestellt sind. Dieses bildet die Grundlage für die hier durchgeführten Zuchtplanungsrechnungen.

Österreichisches Fleckviehzuchtprogramm

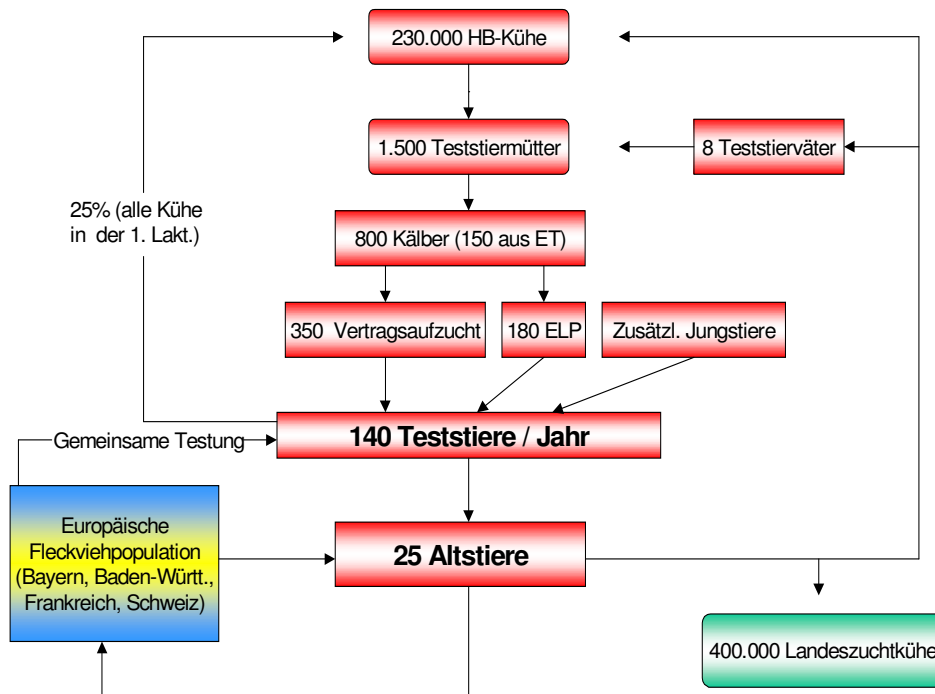


Abbildung 1: Ablaufdiagramm des Zuchtprogrammes Fleckvieh AUSTRIA

13.3.5 Kosten

Die Kosten wurden aktuell nicht neu kalkuliert, jedoch die Kostenpositionen mit Vertretern der Zuchtorganisationen durchgegangen.

Die Fixkosten wurden anhand der Buchhaltungsdaten von zwei Zuchtverbänden im Jahr 2000 ermittelt. Von den Gesamtkosten pro Jahr wurden alle Kosten, die nicht der Zucht zugeordnet werden können (z.B. Vermarktung, Gemeinkosten etc.) subtrahiert. Mitberücksichtigt wurden die anteiligen Zusatzkosten und Gemeinkosten. Nach Rücksprache ist davon auszugehen, dass die Kosten abgesehen von der Inflationsanpassung gleich geblieben sind. Da die Inflation auch bei den Erträgen nicht berücksichtigt wird, wurde auch bei den Kosten auf die Adaptierung verzichtet.

Änderungen im Vergleich zu 2000:

MLP-Kosten: Die MLP-Kosten belaufen sich bei einem System mit hauptamtlichen Probenehmern aktuell auf 50 Euro pro Kuh und Jahr (Schallerl, 2010). Durch Rationalisierungsmaßnahmen und Veränderungen in der Bestandesgröße konnte der Betrag von 60 Euro pro Kuh und Jahr auf 50 Euro pro Kuh und Jahr gesenkt werden. Als zusätzliche Kosten für die Erfassung der Diagnosen durch die LKV-Mitarbeiter wurden 0,50 Euro/Erstdiagnosen angesetzt. Diese Kosten sind als Zusatzaufwand kalkuliert, wenn die Milchleistungskontrolle am Betrieb durch hauptamtliche Probenehmer durchgeführt wird und die Erfassung zusätzlicher Arbeitszeit bedarf. Bei durchschnittlich 0,7 Erstdiagnosen pro Kuh und Jahr wurde in Summe mit 0,35 Euro/Kuh und Jahr kalkuliert. Von den MLP- Kosten werden 50% als züchtungsbedingt berücksichtigt.

Weitere zusätzliche züchtungsbedingte Kosten für die Nutzung von Gesundheitsdaten entstehen durch das Monitoring der Erfassung, die Datenhaltung, Datenvalidierung und Zuchtwertschätzung.

Für die Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale sind in der Routine Kosten von 4.680 Euro pro Jahr zu erwarten. Für die Datenvalidierung und das Monitoring der Schnittstelle zur elektronischen Datenübermittlung werden weitere 14.000 Euro angesetzt. Durch die gemeinsame Nutzung mit Tiergesundheitsdienst, Herdenmanagement und Zucht sind davon ca. 30% züchtungsbedingt zu berücksichtigen. Bei 280.000 Herdebuchkühen entfallen für die ZWS und Datenvalidierung ca. 3 Cent pro Kuh und Jahr. Diese Mehrkosten von 20 Cent / pro Kuh und Jahr (50% von 35 Cent für die Datenerfassung und 3 Cent für ZWS+Overhead) wurden nicht extra berücksichtigt.

13.5 Ergebnisse und Diskussion

13.5.1 Vergleich FV-GZW-FRU-2008 und FV-GZW-GMON-2010

Analysiert wurde die Auswirkung der Berücksichtigung der neuen direkten Gesundheitsmerkmale im Gesamtzuchtwert im Vergleich zum aktuellen Gesamtzuchtwert.

Tabelle 2: Genetische Standardeinheiten (s_A) und wirtschaftliche Gewichte (w_G) pro s_A in EUR, relative Gewichtung der Merkmale und naturale und monetäre Zuchtfortschritte pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei der Variante FV-GZW-FRU-2008

Merkmal	FV-GZW-FRU-2008				FV-GZW-FRU-2008					
		$s(a)$	$w_G \cdot s(a)$	%	natZF/ J	monZF/ J	%	%		
Milch	Fkg	kg	21,9	9,86	4,5	37,9	18,66	1,84	8,9	84,3
	Ekg	kg	16,4	73,80	33,4		21,08	15,56	75,4	
Fleisch	NTZ	g	26,5	16,08	7,3	16,5	9,49	1,53	7,4	10,1
	AUS	%	1,15	10,20	4,6		1,60	0,16	0,8	
	HKL	Klasse	0,25	10,20	4,6		3,82	0,39	1,9	
Fitness	ND	Tag	180	29,64	13,4	43,7	2,92	0,87	4,2	4,4
	PEFS	Pkte	12	4,32	2,0		3,17	0,14	0,7	
	FRU-I	Pkte	12	15,00	6,8		-0,99	-0,15	-0,7	
	KVlp	Klasse	0,22	4,08	1,8		-3,14	-0,13	-0,6	
	KVLm	Klasse	0,22	4,08	1,8		5,32	0,22	1,1	
	TOTp	%	4	9,00	4,1		-0,55	-0,05	-0,2	
	TOTm	%	4	9,00	4,1		2,51	0,23	1,1	
	ZZ	Pkte	12	21,36	9,7		-0,98	-0,21	-1,0	
MBK	DMG	Pkte	12	4,32	2,0	2,0	5,53	0,24	1,2	1,2
			220,94			100,0	GZW =	20,62	100,0	100,0

Tabelle 3: Genetische Standardeinheiten (s_A) und wirtschaftliche Gewichte (wG) pro s_A in EUR, relative Gewichtung der Merkmale und naturale und monetäre Zuchtfortschritte pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei der Variante FV-GZW-GMON-2010

Merkmal	FV-GZW-GMON-2010					FV-GZW-GMON-2010				
	EH	$s(a)$	$wG \cdot s(a)$	%	%	natZF/ J	monZF/ J	%	%	
Milch	Fkg	kg	21,9	9,86	4,2	35,7	17,75	1,75	8,5	80,6
	Ekg	kg	16,4	73,80	31,5		20,17	14,89	72,2	
Fleisch	NTZ	g	26,5	16,08	6,9	15,6	9,43	1,52	7,4	9,9
	AUS	%	1,15	10,20	4,4		1,64	0,17	0,8	
Fitness	HKL	Klasse	0,25	10,20	4,4	46,9	3,53	0,36	1,7	8,3
	ND	Tag	180	29,64	12,6		3,26	0,97	4,7	
	PEFS	Pkte	12	4,32	1,8		3,89	0,17	0,8	
	FRU-I	Pkte	12	28,43	12,1		1,03	0,29	1,4	
	KVLp	Klasse	0,22	4,08	1,7		-3,09	-0,13	-0,6	
	KVLm	Klasse	0,22	4,08	1,7		5,28	0,22	1,0	
	TOTp	%	4	9,00	3,8		-0,56	-0,05	-0,2	
	TOTm	%	4	9,00	3,8		2,53	0,23	1,1	
MBK	EUG-I	Pkte	12	21,36	9,1	1,8	0,09	0,02	0,1	1,1
	DMG	Pkte	12	4,32	1,8		5,45	0,24	1,1	
			234,37		100,0	GZW =	20,63	100,0	100,0	

Die Berücksichtigung der direkten Fruchtbarkeitsstörungen im Fruchtbarkeits-Index (FRU-I) sowie der Mastitis, Eutermerkmale und der Zusammenhänge zur Zellzahl in einem Eutergesundheits-Index (EUG-I) führt zu einem vergleichbaren monetären Zuchtfortschritt pro Jahr für die Varianten FV-GZW-FRU-2008 und FV-GZW-GMON-2010. In der FV-GZW-FRU-2008 Variante beträgt der monetäre Zuchtfortschritt 20,62 Euro pro Kuh und Jahr. In der Variante FV-GZW-GMON-2010 beträgt der monetäre Zuchtfortschritt 20,63 Euro pro Kuh und Jahr. Zu beobachten ist eine Verlagerung des realisierten Zuchtfortschrittes für die Fitnessmerkmale von 4,4 auf 8,3%. Durch die Berücksichtigung des Fruchtbarkeits-Indexes und des Eutergesundheits-Indexes ist ein leicht positiver Zuchtfortschritt für diese beiden Merkmale zu erzielen.

13.5.2 Veränderung der wirtschaftlichen Gewichte

Analysiert werden die Auswirkungen der Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte für Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Index. In Variante 1 wurde das wirtschaftliche Gewicht um jeweils 50% erhöht, in Variante 2 um 100%. Ausgangsvariante für diese Varianten ist FV-GZW-GMON-2010 bei einem Testanteil von 25% und 140 Teststieren.

Variante 1

Tabelle 4: Genetische Standardeinheiten (s_A) und wirtschaftliche Gewichte (wG) pro s_A in EUR, relative Gewichtung der Merkmale und naturale und monetäre Zuchtfortschritte pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei der Variante FV-GZW-GMON-2010 mit Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte des Fruchtbarkeits- und Euterindexes um 50%

Merkmal	EH	FV-GZW-GMON-2010				FV-GZW-GMON-2010				
		s(a)	wG* s(a)	%	%	natZF/ J	monZF/ J	%	%	
Milch	Fkg	kg	21,9	9,86	3,8	32,3	15,50	1,53	7,2	69,8
	Ekg	kg	16,4	73,80	28,5		17,89	13,20	62,5	
Fleisch	NTZ	g	26,5	16,08	6,2	14,1	9,13	1,47	7,0	9,3
	AUS	%	1,15	10,20	3,9		1,67	0,17	0,8	
	HKL	Klasse	0,25	10,20	3,9		3,18	0,32	1,5	
Fitness	ND	Tag	180	29,64	11,4	52,0	3,83	1,14	5,4	20,0
	PEFS	Pkte	12	4,32	1,7		4,84	0,21	1,0	
	FRU-I	Pkte	12	42,64	16,4		3,75	1,60	7,6	
	KVlp	Klasse	0,22	4,08	1,6		-2,93	-0,12	-0,6	
	KVlm	Klasse	0,22	4,08	1,6		5,09	0,21	1,0	
	TOTp	%	4	9,00	3,5		-0,55	-0,05	-0,2	
	TOTm	%	4	9,00	3,5		2,48	0,22	1,1	
	EUG-I	Pkte	12	32,04	12,4		3,18	1,02	4,8	
MBK	DMG	Pkte	12	4,32	1,7	1,7	4,60	0,20	0,9	0,9
			259,26		100,0		GZW =	21,12	100,0	

Die Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte für Fruchtbarkeits- und Euterindex (FRU-I bzw. EUG-I) um 50% bewirkt eine Verschiebung des Gewichtes von Milch und Fleisch zu Fitness und eine Erhöhung des gesamten monetären Zuchtfortschrittes. Die relative Gewichtung der Fitness beträgt 52%, bei den realisierten Zuchtfortschritten ist ein Anstieg von 8,8% auf 20% zu beobachten.

Variante 2

Tabelle 5: Genetische Standardeinheiten (s_A) und wirtschaftliche Gewichte (wG) pro s_A in EUR, relative Gewichtung der Merkmale und naturale und monetäre Zuchtfortschritte pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei der Variante FV-GZW-GMON-2010 mit Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte des Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Indexes um 100%

Merkmal	EH	FV-GZW-GMON-2010				FV-GZW-GMON-2010				
		$s(a)$	$wG^* s(a)$	%	%	natZF/J	monZF/J	%	%	
Milch	Fkg	kg	21,9	9,86	3,5	29,4	12,95	1,28	5,7	56,2
	Ekg	kg	16,4	73,80	26,0		15,23	11,24	50,4	
Fleisch	NTZ	g	26,5	16,08	5,7	12,8	8,57	1,38	6,2	8,2
	AUS	%	1,15	10,20	3,6		1,65	0,17	0,8	
Fitness	HKL	Klasse	0,25	10,20	3,6	56,2	2,76	0,28	1,3	34,9
	ND	Tag	180	29,64	10,4		4,24	1,26	5,6	
	PEFS	Pkte	12	4,32	1,5		5,58	0,24	1,1	
	FRU-I	Pkte	12	56,86	20,0		6,15	3,50	15,7	
	KVLp	Klasse	0,22	4,08	1,4		-2,69	-0,11	-0,5	
	KVLm	Klasse	0,22	4,08	1,4		4,76	0,19	0,9	
	TOTp	%	4	9,00	3,2		-0,53	-0,05	-0,2	
	TOTm	%	4	9,00	3,2		2,37	0,21	1,0	
	EUG-I	Pkte	12	42,72	15,0		5,95	2,54	11,4	
	MBK	DMG	Pkte	12	4,32		1,5	1,5	3,67	
			284,16		100,0	GZW =	22,29	100,0	100,0	

Tabelle 6: Auswirkungen der verschiedenen Varianten auf den monetären Zuchtfortschritt in Euro pro Jahr

	FV-GZW-FRU -2008	FV-GZW-GMON -2010	FV-GZW-GMON -2010-50%	FV-GZW-GMON -2010-100%
monGG	20,62	20,63	21,12	22,20
monGG (%)	100,00	100,05	102,42	107,66

Die weitere Erhöhung des wirtschaftlichen Gewichtes um 100% bewirkt eine Steigerung des monetären Zuchtfortschrittes um 7,6% im Vergleich zur Variante FV-GZW-GMON-2010. Der Fitnessblock realisiert 35% des gesamten Zuchtfortschrittes. Die Kosteneinsparungen durch Verbesserung der Fitness heben den Rückgang bei den Milchleistungsmerkmalen auf, sodass der monetäre Zuchtfortschritt in Summe erhöht werden kann. Die Zuchtfortschritte in den korrelierten Merkmalen frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten, Mastitis, Euternote, Euterboden, Voreuteraufhängung und Strichstellung sind ebenfalls positiv.

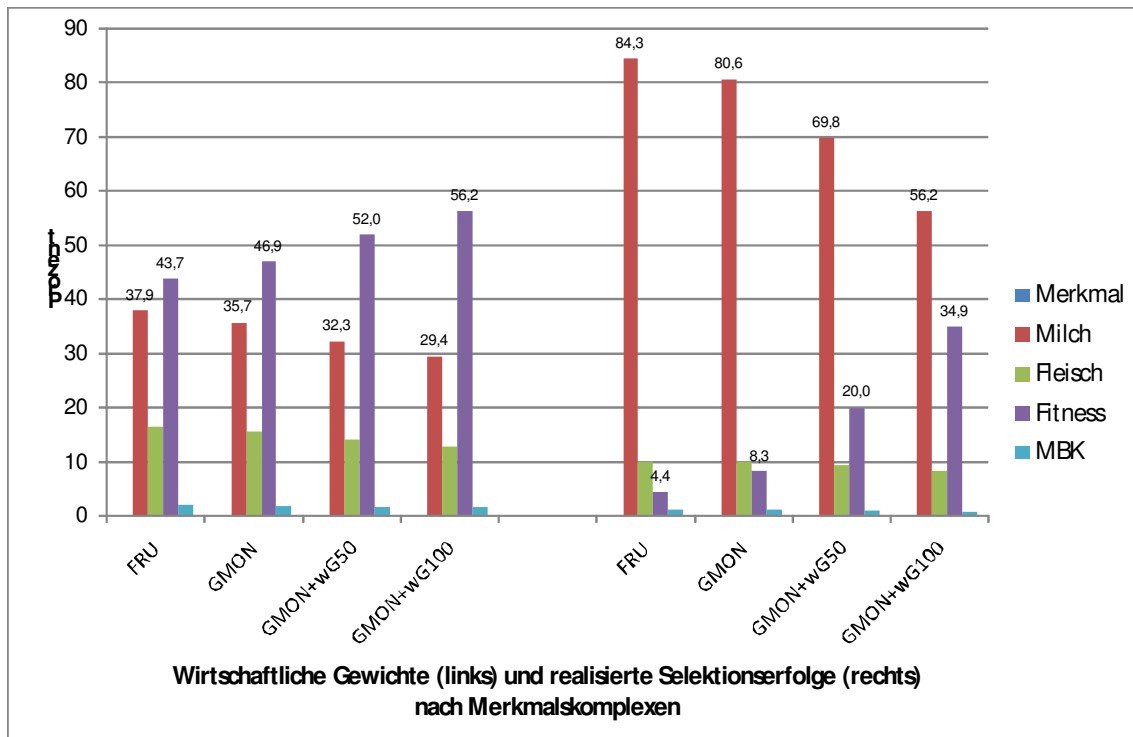


Abbildung 2: Auswirkungen der Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte auf die Gewichtung im Gesamtzuchtwert und die Realisierung in den Merkmalsblöcken

13.5.3 Veränderung der Nachkommenzahl pro Teststier

Eine weitere Erhöhung des Zuchtfortschrittes für die Gesundheitsmerkmale kann durch die Vergrößerung der Nachkommenzahl pro Teststier erwartet werden. Bei der Variante Zuchtprogramm Fleckvieh Austria ist im Durchschnitt mit 58 Töchterleistungen zu rechnen. Die Ausgangsvariante FV-GZW-GMON-2010 ist definiert durch einen Testanteil von 25% bei 140 Teststieren.

Wird der Testanteil auf 40% gesteigert entstehen bei gleich bleibender Anzahl Teststiere 95 Töchterleistungen. Eine weitere Erhöhung auf 55% Testanteil resultiert in 129 Nachkommenleistungen pro Teststier. Tabelle 7 zeigt, dass die Steigerung der Anzahl der Nachkommen den monetären Zuchtfortschritt um ca. 2% erhöht. Die Verbesserungen beim Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Index sind absolut gesehen gering, prozentuell ist jedoch eine große Steigerung zu beobachten. Beim Fruchtbarkeits-Index steigt der naturale Zuchtfortschritt von 0,12 ZW-Punkten pro

Jahr auf 0,14 ZW-Punkten pro Jahr. Beim Eutergesundheits-Index steigt der naturale Zuchtfortschritt von jährlich 0,01 auf 0,03 ZW-Punkten.

Die Erhöhung der Anzahl der Nachkommen in dieser Größenordnung bewirkt bei den Zuchtplanungsrechnungen nur geringe Verbesserungen. Für die Zuverlässigkeit der Zuchtwerte spielt dieser Effekt jedoch eine bedeutende Rolle.

Eine weitere Erhöhung der Anzahl Nachkommen ist durch die Reduktion der Anzahl der Testtiere möglich. Diese Maßnahme würde aber die Selektionsintensität bei den Altstieren verringern, sodass der Effekt der weiteren Steigerung der Nachkommenzahlen nicht eindeutig analysiert werden könnte. Daher wurden hier diese Varianten nicht untersucht. Im Zuge von Analysen zur genomischen Selektion wird diesen Aspekten Rechnung getragen werden.

Tabelle 7: Auswirkung der Veränderung des Testanteiles (TA) auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr (monGG) und die naturalen Zuchtfortschritte pro Jahr für Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Index

	NK/TS	mon.GG	mon.GG (%)	natürlicher ZF pro Jahr in ZW-Punkten			
				FRU-I	FRU-I (%)	EUG-I	EUG-I (%)
TA=0,25	58	20,63	100,0	0,12	100,0	0,01	100,0
TA=0,40	94	20,94	101,5	0,14	111,7	0,02	188,9
TA=0,55	129	21,09	102,2	0,14	116,5	0,03	233,3

13.6 Zusammenfassung und weitere Vorgangsweise

Die Berücksichtigung von direkten Gesundheitsmerkmalen führt zu einer Stärkung des Fitnesskomplexes im Gesamtzuchtwert. Der Anteil der Realisierung des Fitnessblockes steigt von 4,3% auf 8,8%. Auch wenn die naturalen Zuchtfortschritte für den Fruchtbarkeits- und den Eutergesundheits-Index durch diese Maßnahme positiv sind, sind sie doch zu gering, um spürbare Verbesserungen zu erreichen. Wenn der Zuchtfortschritt für den Fruchtbarkeits- und Euterkomplex gesteigert werden soll, so wäre eine wirksame Maßnahme die Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte. Die Erhöhung der Nachkommenzahl pro Teststier führt nur zu einer leichten Verbesserung dieser Merkmale. Die Optimierung der Zuchtprogramme hinsichtlich der Steigerung des Zuchtfortschrittes für die Fitnessmerkmale ist mit den zu erwartenden Veränderungen durch die genomische Selektion noch genauer zu

analysieren. In weiterer Folge werden diese Ergebnisse mit den Verantwortlichen der Zuchtorganisationen diskutiert werden.

13.7 Literatur

- Egger-Danner, C., Gierzinger, E., Willam, A., Sölkner, J. (2000). Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh. Forschungsbericht im Auftrag des BMLFUW, Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzuchtverbände; Arbeitsgemeinschaft österreichischer Braunviehzüchter.
- Egger-Danner, C., Willam, A., Sölkner, J., Gierzinger, E. (2000). Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. Interbull Bull. No. 23, 193-199.
- Gierzinger, E., Egger-Danner, C., Willam, A., Sölkner, J. (2000). Optimaler Testanteil und Gruppengröße in Nachkommenprüfprogrammen bei Selektion nach einem Gesamtzuchtwert.. In: Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde/Gesellschaft für Tierzucht (Hrsg.): Tagungsbericht, 20.-21.9.2000, Kiel, Deutschland.
- Gredler, B., Fuerst, C., Sölkner, J. (2006). Development of Genetic Evaluations for Fertility Traits in Austrian and German Dairy Cattle. Interbull Bull. No. 34, 38–41.
- Gredler, B. (2008). Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Merkmale der Fruchtbarkeit beim Rind. Dissertation. Wien (AUT). url: <http://www.dafne.at> (besucht am 14. 10. 2010). Als Abschlussbericht für das Forschungsprojekt 1426 im Internet veröffentlicht.
- Heringstad, B., Klemetsdal, G., Ruane, J. (2000). Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. In: Livestock Production Science 64.2-3, 95 –106.
- Heringstad, B., Klemetsdal, G., Steine, T. (2007). Selection responses for disease resistance in two selection experiments with Norwegian red cows. J. Dairy Sci. 90, 2419-2426.

- Heringstad, B. (2009). Nutzung von Gesundheitsdaten bei Milchkühen – Erfahrungen aus Norwegen. Projekttagung, 1.12.2009, Freistadt. <http://cgi.zar.at/download/Newsletter/Bjorg.pdf>.
- Philipsson, J., Lindhé, B. (2003). Experiences of including reproduction and health traits in Scandinavian dairy cattle breeding programmes. In: Livestock Production Science 83.2-3, 99–112.
- Miesenberger, J. (1997). Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht. Dissertation Universität für Bodenkultur Wien.
- Miesenberger, J. (2009). Züchterbefragung des Fleckviehzuchtverbandes Inn- und Hausruckviertel. Persönliche Mitteilung.
- Schallerl, Franz (2010). Persönliche Mitteilungen.
- Sölkner, J., Willam, A., Gierzinger, E., Egger-Danner, C. (1999). Effects of including conformation in total merit indices of cattle. Interbull Bull. No. 23. 143–150.
- Sölkner, J., Willam, A., Egger-Danner, C., Schwarzenbacher, H. (2005). Functional traits in cattle breeding programs: implementation issues. Book of Abstracts of the 56th Ann. Meeting EAAP, 5.6.-8.6. 2005, Uppsala, Sweden, 42.
- Steininger, F., 2010. Persönliche Mitteilungen. Diplomarbeit in Arbeit.
- Straif, C. (2010). Züchterbefragung der Rinderzucht Tirol. Persönliche Mitteilung.
- Thaller, G. (1997). Genetics and Breeding for Fertility. Interbull Bull. No. 18, 55–61.
- Willam, A., Egger-Danner, C., Sölkner, J., Gierzinger, E. (2002). Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. Livestock Production Science 77: 217-225.
- Willam, A., Nitter, G., Bartenschlager, H., Karras, K., Niebel, E., Graser, H.-U. (2008). Z P L A N Manual for a PC-Program to Optimize Livestock Selection Schemes Manual Version 2008 for Source Code “z10.for”.
- Winkler, R. (2010). Züchterbefragung beim Tiroler Braunviehzuchtverband. Persönliche Mitteilung.

14 Teilnahme an Tagungen, Kursen, Sitzungen (BOKU und ZuchtData)

- Besuch der Lehrveranstaltung Stoffwechselfysiologie, Dr. Wilhelm Windisch, BOKU Wien, 25.2.-28.6.2008
- ZAR-Seminar des Ausschusses für Genetik in Salzburg, 13.3.2008
- Braunvieh-Weltkongress im Zillertal, April 2008
- LKV-Ausschuss in Wien, 20.5.2008
- Tierärzefortbildungsveranstaltung zur Zuchtwertschätzung in Wien, 31.5.2008
- Tierärzefortbildungsveranstaltung in Gumpenstein, 6.6.2008
- Tierzucht-Dreiländerseminar in München, 2.-3.6.2008
- GMON - Kernteamsitzung, Wien, 26.3.2008
- GMON - Kernteamsitzung, Wien, 24.6.2008
- International postgraduate course on Whole Genome Association and Genomic Selection (Dr. Ben Hayes), Salzburg, 1.9.-5.9.2008
- Besuch des Workshops Whole Genome Association and Genomic Selection, Salzburg, 7.9.-8.9.2008
- Tierärzefortbildungsveranstaltung zur Zuchtwertschätzung in Kufstein, 18.10.2008
- Besuch der Lehrveranstaltung Statistics with R – the Open Source Way, Dr. Bernhard Spangl, BOKU Wien, 29.10-17.12.2008
- Besuch der Lehrveranstaltung Resistance breeding of crop plants, Dr. Hermann Bürstmayr und Dr. Marc Lemmens, BOKU Wien, 13.10.2008 – 30.1.2009
- GMON – erweiterte Teamsitzung, Waidhofen/Ybbs, 3.12.2008
- GMON – Kernteamsitzung, Waidhofen/Ybbs, 4.12.2008
- Sitzung des Ausschusses für Genetik der ZAR, Wien, 17.12.2008
- GMON – Kernteamsitzung, Wien, 23.1.2009
- Geschäftsführerbesprechung AGÖF, Sattledt, 16.2.2009
- Sitzung des ZAR-Ausschusses für Genetik am 12.3.2009
- ZAR-Seminar in Salzburg am 13.3.2009
- 5. Rinderworkshop in Uelzen am 17.-18.2.2009 in Uelzen, DEU
- LKV-Schulung in St. Pölten am 23.4. 2009

- Bundesfleckviehschau der AGÖF am 4.4.2009 in Greinbach
- EADGENE- Brüssel: Health data comparison workshop am 25.5.2009
- Beratender Ausschuss Zuchtwertschätzung in München am 28.5.2009
- Bildungsoffensive Rinderzucht Fleckvieh in Sattledt am 18.6.2009
- Bildungsoffensive Rinderzucht Braunvieh in Rotholz(Tirol) am 30.6.2009
- Besuch der Lehrveranstaltung Paper Discussion, Univ. Prof. Dr. Johann Sölkner, BOKU Wien, 1.3.2008-30.6.2009
- Teilnahme und Vortrag bei EAAP, Barcelona, Spanien, 24.8.-27.8.2009
- Teilnahme an der Interbull Tagung, Barcelona, Spanien, 21.8.-24.8.2009
- Projektvorstellung in München im Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten am 18.9.2009
- AFEMA-Hofberatertagung am 30.10.2009 in Salzburg
- GMON – erweiterte Teamsitzung, Freistadt, 1.12.2009
- GMON – Kernteamsitzung, Freistadt, 2.12.2009
- Forschungsaufenthalt an der Norwegian University of Life Sciences am Department of Animal and Aquacultural Sciences in Aas, Norwegen, 2.6.-18.12.2009
- Besuch der Lehrveranstaltung Genome Analysis, Methodology, Dr. Dag Inge Våge, UMB Aas, 9.9.-10.12.2009
- GMON – Kernteamsitzung, Wien, 18.1.2010
- Sitzung des ZAR-Ausschusses für Genetik, Salzburg, 17.3.2010
- ZAR-Seminar des Ausschusses für Genetik in Salzburg, 18.3.2010
- Teilnahme und Vortrag bei der ICAR-Tagung, Riga, Lettland, 31.5-4.6.2010
- Teilnahme und Vortrag bei Interbull meeting, Riga, Lettland, 31.5-4.6.2010
- Teilnahme und Präsentationen bei WCGALP, Leipzig, Deutschland, 1.8.-6.8.2010
- Teilnahme und Vorträge bei EAAP, Heraklion, Griechenland, 23.8.-27.8.2010
- GMON – Kernteamsitzung, Wien, 8.9.2010
- GMON – erweiterte Teamsitzung, Weiz, 23.11.2010
- GMON – Kernteamsitzung, Weiz, 24.11.2010

Weitere Sitzungsteilnahmen

Das GMON-Projekt wurde weiters bei verschiedenen Sitzungen im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung mit Deutschland (ZWS-Team, Beratender Ausschuss Zuchtwertschätzung) mehrfach vorgestellt und diskutiert. Weiters war GMON wiederholt Thema bei Sitzungen der verschiedenen Ausschüsse der ZAR (Zuchtverbände, Leistungsprüfung, Besamung, Genetik), aber auch des ZAR-Vorstandes und ZuchtData-Aufsichtsrates und der Gremien der Rassenarbeitsgemeinschaften (LA-Fleckvieh, AGÖF-Vollversammlung,...). Zusätzlich war seitens der Projektleitung auch die Teilnahme bei verschiedenen Besprechungen in den Ministerien (BMLFUW, BMG) und der Tiergesundheitsdienste erforderlich.

Anmerkung: Die Kosten für die Teilnahme an den Veranstaltungen wurden teilweise auch vom Veranstalter übernommen oder über die anderen Projektpartner bzw. andere Projekte abgerechnet.

15 Publikationen und Präsentationen

2006

Egger-Danner, C. (2006). Verschiedene Projektpräsentationen in den Bundesländern zum Projektstart im Laufe des Jahres 2006.

Egger-Danner, C. (2006). Etablierung eines Gesundheitsmonitorings für eine auf Nachhaltigkeit und Wirtschaftlichkeit ausgerichtete Rinderzucht und Lebensmittelproduktion. Kurztitel: Gesundheitsmonitoring Rind. ADR-Sitzung, am 8.3.2006, Bonn.

Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhacker, W., Janacek, R., Lederer, J., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Winkler, M. (2006). Establishing a health monitoring system for cattle in Austria. ICAR-Tagung, Kuopio - June 7th, 2006.

Egger-Danner, C. (2006). Tiergesundheit - Verbesserte Tiergesundheit durch Gesundheitsmonitoring. Mehr Erfolg im Kuhstall, NÖ, November 2006.

Egger-Danner, C. (2006). Gesundheitsmonitoring Rind Projektvorstellung und erste Erfahrungen. Landestag der Milchviehhaltung 29/30. November 2006.

Egger-Danner, C. (2006). Gesundheitsmonitoring Rind Projektvorstellung. Besamungsinformationstagung Fleckvieh in Bayern am 4. Dezember 2006.

Egger-Danner, C. (2006). Gesundheitsmonitoring Rind Projektvorstellung. Besamungsinformationstagung Braunvieh in Bayern am 12. Dezember 2006.

2007

Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhacker, W., Janacek, R., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A. Winter, P. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind erste Erfahrungen und Ergebnisse. 5 Jahre Tiergesundheitsdienst, Veterinärmedizinische Universität Wien, am 26. April 2007.

Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhacker, W., Janacek, R., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A. Winter, P. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind erste Erfahrungen und Ergebnisse . Jahrestagung des ALQ der ADR, Isny, am 8. Mai 2007

- Egger-Danner, C. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind - Erste Ergebnisse. Seminar des Ausschusses für Genetik, Heffterhof, Salzburg, am 15.3.2007.
- Egger-Danner, C. (2007). Gesundheitsmonitoring und Zucht auf Fitness beim Fleckvieh. Sitzung des Ausschusses WSFV 2007, Jihlava, am 30. Mai 2007.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhaecker, W., Janacek, R., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind - Projektvorstellung. Veranstaltung der Swiss Genetics, am 13.11.2007.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhaecker, W., Janacek, R., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind. LKV OÖ-Schulung, am 20.11.2007
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl B., Janacek, R., Mayerhofer, M., Obritzhauser, W., Reith, F., Tiefenthaller, F., Wagner, A., Winter, P., Wöckinger, M., Wurm, K., Zottl, K. (2007). Sustainable cattle breeding supported by health reports. In: van der Honing, Y. (Ed.) , Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production , 205, 58th Annual Meeting of the EAAP, 26.-29.8.2007, Dublin.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Holzhaecker, W., Janacek, R., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A. (2007). Establishing a health monitoring for cattle in Austria: first experiences. In: van der Honing, Y. (Ed.) , Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production , 363, 58th Annual Meeting of the EAAP, 26.-29.8.2007, Dublin.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl. B., Holzhaecker, W., Janacek, R., Lederer, J., Miesenberger, M., Obritzhauser, W., Winkler, M. (2007). Establishing a health monitoring project in Austria. 35th Biennial Sessions of ICAR , 7.-10.6.2006, Kuopio, Finland.
- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Holzhaecker, W., Janacek, R., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, C., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A., Winter, P. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind - erste Erfahrungen und Ergebnisse. 5 Jahre Tiergesundheitsdienst, 26.4.2007, Veterinärmedizinische Universität Wien.

- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Holzhaacker, W., Janacek, R., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, C., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A. (2007). Building up health registrations – the Austrian concept. Holstein and Red Holstein Conference 2007, 2.-5.7.2007, Aarhus, Denmark.
- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Holzhaacker, W., Janacek, R., Mayerhofer, C., Obritzhauser, W., Reith, F., Tiefenthaller, F., Wagner, A., Winter, P., Wöckinger, M., Wurm, K., Zottl, K. (2007). Gesundheitsbericht bringt neue Entscheidungshilfe. Der Fortschrittliche Landwirt, 2, 8-11.
- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Holzhaacker, W., Janacek, R., Mayerhofer, C., Obritzhauser, W., Reith, F., Tiefenthaller, F., Wagner, A., Winter, P., Wöckinger, M., Wurm, K., Zottl, K. (2007). Landwirte und Tierärzte nehmen die Gesundheit der Tiere sehr ernst. Bauernzeitung, 1.
- Fürst-Waltl, B. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind in Österreich. EU Twinning Project: Farming with quota and premiums, 13.7.2007, Domžale, Slovenia.
- Fürst-Waltl, B., Zottl, K., Egger-Danner, C. (2007). Gesundheitsmonitoring Rind: Was Bauern und Tierärzte dazu sagen, Bauernzeitung 40, 11.

2008

- Auer, F.-J., Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Gimpl, A., Grassauer, B., Janacek, R., Kraus, J. Lang, H., Mayerhofer, M., Moosbrugger, H., Obritzhauser, W., Reith, F., Tiefenthaller, F., Wagner, A., Weiss, E., Winter, P., Wöckinger, M., Wurm, K., Vallant, R., Zottl, K. (2008). Moderne Werkzeuge für das Herdenmanagement. Sonderbeilage, Fortschrittlicher Landwirt, 2.
- Egger-Danner, C. (2008). Gesundheitsmonitoring Rind. Was wollen wir mit dem Projekt erreichen? FIH, 6. Februar 2008
- Egger-Danner, C. (2008). Gesundheitsmonitoring Rind – ein innovatives Projekt für die Viehwirtschaft. 14. Wintertagung für Grünland- und Viehwirtschaft Aigen im Ennstal, 8. Februar 2008.
- Egger-Danner, C. (2008). Gesundheitsmonitoring Rind - Aktuelles. ZAR-Seminar, am 13. März 2008 am Heffterhof, Salzburg.
- Egger-Danner, C. (2008). Gesundheitsmonitoring Rind – ein österreichischer Ansatz zur Verbesserung der Tiergesundheit. Braunvieh – Weltkongress 2008, Mayrhofen/Zillertal, am 17. April 2008.

- Egger-Danner, C. (2008). Gesundheitsmonitoring Rind – Projektvorstellung und erste Ergebnisse. 21. Baumgartenberger Fachgespräche, Grein, 8. Mai 2008.
- Egger-Danner, C., Obritzhauser, W., Grassauer, B., Holzhaacker, W., Winter, P. (2008). Gesundheitsmonitoring Rind – ein Hilfsmittel zur Bestandesbetreuung. Tierärztetagung, Gumpenstein, am 6. Juni 2008.
- Egger-Danner, C. (2008). Flächendeckender Ansatz zum Gesundheitsmonitoring in Österreich. Dreiländerseminar Rinderzucht, Herrsching (DEU), am 2. Juni 2008.
- Egger-Danner, C., (2008). Gesundheitsmonitoring Rind. LKV Tagesbericht und Jahresbericht Tiergesundheit.ÖTGD-Wiederkäuertagung, Mondsee, am 5. Oktober 2008.
- Egger-Danner, C. (2008). Nachhaltige Rinderzucht und Tiergesundheit in Österreich. Agroforum, Sumy, 15.10.2008.
- Egger-Danner, C. (2008). Aktueller Stand „GESUNDheitsmonitoring RIND“ TGD Burgenland, Weppersdorf, am 11. Dezember 2008.
- Egger-Danner, C. (2008). Kommen die Gesundheitszuchtwerte? Die Gesundheitszuchtwerte kommen! AGÖF-Seminar 2008. Auf der Gugl, am 28. November 2008.
- Fuerst, C., Egger-Danner, C. (2008). ABC der Zuchtwertschätzung. 3 Tierärzefortbildungsveranstaltungen (Wien, Oberösterreich, Tirol – Frühjahr 2008).
- Köck, A., Fürst-Waltl, B., Egger-Danner, C. (2008). Gesunde und leistungsstarke Tiere - ein Widerspruch? Fleckviehzucht in Österreich - Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter, 3, 8-9.
- Köck, A., Fürst-Waltl, B., Egger-Danner, C. (2008). Leistungsstark und gesund muss kein Widerspruch sein. Bauernzeitung , 41, 9-10.
- Obritzhauser, W., Egger-Danner, C., Grassauer, B., Holzhaacker, W., Winter, P. (2008). Preliminary results of a general health monitoring system for cattle in Austria. XXV. World Buiatrics Congress, Budapest, Hungaria, July 7th, 2008.

2009

- Egger-Danner, C. (2009). GESUNDheitsmonitoring.RIND – Aktuelles. Schulung der LKV-Mitarbeiter am 21.4.2009 in Seekirchen.

- Egger-Danner, C. (2009). GESUNDheitsmonitoring.RIND – Der Weg zu gesünderen Tieren. Züchterstammtisch am 21.4.2009 in Seekirchen.
- Egger-Danner, C. (2009). Gesundheitsmonitoring Rind – Gesundheitszuchtwerte und Datenqualität: 2. Datenqualität. Schulung für Mitarbeiter des Landeskontrollverbandes Niederösterreich, 23.4.2009, St. Pölten.
- Fürst-Waltl, B. (2009). Gesundheitsmonitoring Rind – Gesundheitszuchtwerte und Datenqualität: 1. Gesundheitszuchtwerte. Schulung für Mitarbeiter des Landeskontrollverbandes Niederösterreich, 23.4.2009, St. Pölten.
- Egger-Danner, C. (2009). Kommen die Gesundheitszuchtwerte? AGÖF-Seminar am 28.11.2008 in Linz.
- Egger-Danner, C. und Grassauer, B. (2009). GESUNDheitsmonitoring.RIND – ein gemeinsamer Weg. Projektvorstellung am 18.9.2009 im STMELF in München.
- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Grassauer, B. (2009). Vom Gesundheitsmonitoring zum Gesundheitszuchtwert. Vet Journal, 62, 26-31.
- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Grassauer, B., Holzhaecker, W., Janacek, R., Köck, A., Lederer, J., Litzllachner, C., Mader, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Wagner, A., Winter, P., Zottl, K. (2009). Monitoring von Gesundheitsinformationen. DGFZ-Schriftenreihe (Hrsg. Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V.), 53, 176-188.
- Egger-Danner, C., Grassauer, B., Obritzhauser, W., Köck, A., Fürst-Waltl, B. (2009). Welche Daten gehen in die Zuchtwertschätzung ein? Fleckvieh Austria - Das österreichische Magazin für Fleckviehzucht, 2, 10-13.
- Egger-Danner, C., Koeck, A., Obritzhauser, W., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2009). Impact of health data quality on breeding efficiency in Austrian Fleckvieh cows. In: EAAP-Book of Abstracts No 15: 60th Annual Meeting of the EAAP, 24.-27.8.2009, Barcelona, 411.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Fuerst, C., Grassauer, B., Janacek, R., Köck, A., Litzllachner, C., Lederer, J., Mader, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schoder, G., Sölkner, H., Wagner, A., Winter, P., Zottl, K. (2009). Gesundheits-Zuchtwerte. Zuchtwerte Mastitis, Fruchtbarkeit und Co. Sonderdruck (siehe Anlage).
- Egger-Danner, C. (2009). GESUNDheitsmonitoring und Eutergesundheitsdienst. Tierhaltungstag, Güssing, am 3.12.2009

- Egger-Danner, C. (2010). Gesundheitsmonitoring beim Rind in Österreich - Ein gemeinsamer Weg. Vortrag an der Universität Kiel am 9.12.2009.
- Kalcher, L. und Egger-Danner, C. (2009). Gesundheitsmonitoring Rind – so funktioniert es in der Praxis. Der fortschrittliche Landwirt, Heft 1/2009.
- Köck, A., Fürst-Waltl, B. Egger-Danner, C. (2009). Zuchtwertschätzung gewinnt durch Gesundheitsmerkmale. Der Fortschrittliche Landwirt , 8, 8-9.
- Köck, A., Fürst-Waltl, B., Fürst, C., Egger-Danner, C. (2009). Vom Gesundheits-Monitoring zum Gesundheits-Zuchtwert. Fleckvieh Austria - Das österreichische Magazin für Fleckviehzucht, 2, 4-10.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2009). Genetic analysis of reproductive disorders and their relationship to fertility in Fleckvieh dual purpose cattle. In: EAAP-Book of Abstracts No 15: 60th Annual Meeting of the EAAP, 24.-27.8.2009, Barcelona, 108.
- Koeck, A., Fuerst-Waltl, B., Fuerst, C., Egger-Danner, C. (2009). Genetic relationships between metabolic diseases and fertility in Fleckvieh dual purpose cattle. In: EAAP-Book of Abstracts No 15: 60th Annual Meeting of the EAAP, 24.-27.8.2009, Barcelona, 110.

2010

- Egger-Danner, C. (2010). Gesundheitsmonitoring - Ein wesentlicher Beitrag zu gesunden Rindern. 28. Rinderfachtag, am 30.1.2010. Gasthaus „Donner“ in Fladnitz/Teichalm.
- Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Obritzhauser, W., Koeck, A., Grassauer, B., Janacek, R., Litzllachner, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Schallerl, F., Schoder, G., Wagner, A. (2010). Availability of health data for breeding purposes – challenges and key factors of success. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany, 1.-6.8.2010.
- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Grassauer, B., Janacek, R., Litzllachner, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Köck, A., Obritzhauser, W., Schallerl, F., Schoder, G., Schwarzenbacher, H., Sturmlechner, F., Wagner, A., Winter, P., Zottl, K. (2010). GESUNDheitsmonitoring Rind – Übersicht und aktueller Stand des Projektes. 37. Viehwirtschaftliche Fachtagung, 13. – 14. April 2010, Lehr- und Forschungszentrum für Landwirtschaft, Raumberg-Gumpenstein, Österreich, 37-41.

- Egger-Danner, C., Fürst-Waltl, B., Grassauer, B., Janacek, R., Litzllachner, C., Mayerhofer, M., Miesenberger, J., Obritzhauser, W., Schallerl, F., Schoder, G., Wagner, A. (2010). Vom Arzneimittelbeleg zum Nutzen für die Rinderzucht. In: ZAR - Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Neue Lösungen für eine erfolgreiche und verantwortungsvolle Tierzucht. Gesundheitsmonitoring und genomische Selektion. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, 18.3.2010, Salzburg, 7-16.
- Egger-Danner, C., Obritzhauser, W., Fuerst-Waltl, B., Grassauer, B., Janacek, R., Schallerl, F., Litzllachner, C., Koeck, A., Mayerhofer, M., Miesenberger, M., Schoder, G., Wagner, A., Zottl, K. (2010). Registration of health traits in Austria – Experience review. In: International Committee for Animal Recording, Proceedings of the 37th Annual Meeting International Committee for Animal Recording, Riga, Lettland, 31.5.–4.6.
- Egger-Danner, C. (2010). GESUNDheitsmonitoring RIND – ein gemeinsames Projekt zur Verbesserung der Tiergesundheit. Bundesbericht Arbeitskreis Milchproduktion.
- Egger-Danner, C. (2010). Gesundheitszuchtwerte - Aktueller Stand und Maßnahmen zur Konsolidierung. GF-Treffen der AGÖF, Sattledt, am 20.8.2010.
- Egger-Danner, C. (2010). Gesundheitsmonitoring RIND - TGD-Programm Gesundheitsmonitoring. 16. Infoveranstaltung für T-TGD-Tierärzte, Mils bei Hall, am 21.9.2010
- Egger-Danner, C., Grassauer, B.(2010). Gesundheitsmonitoring Rind - aktueller Bericht. ÖTGD-Wiederkäuertagung von Praktikern für Praktiker, Mondsee, am 3.10.2010.
- Egger-Danner, C., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, C. Koeck, A., Schwarzenbacher, H. (2010). Improvement of animal health – necessity and challenge. Braunvieh – Europakongress 2010, Novo Mesto, am 14. Oktober 2010.
- Egger-Danner, C. (2010). Gesundheitsmonitoring RIND - aktueller Bericht. Tagung des TGD-Oberösterreich. Sattledt, am 4.11.2010
- Fuerst, C., Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B. (2010). Phenotypic and genetic relationships between clinical mastitis and udder conformation traits in Austrian Fleckvieh cattle. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany, 1.-6.8.2010.

- Fuerst-Waltl, B., Koeck, A., Egger-Danner, C. (2010). Cystic ovaries, silent estrus and respiratory disease occurrence in Austrian Fleckvieh heifers. In: EAAP-Book of Abstracts No 16: 61th Annual Meeting of the EAAP, 23.-27.8.2010, Heraklion, 255.
- Fuerst-Waltl, B., Koeck, A., Fuerst, C., Egger-Danner, C. (2010). Genetic analysis of diarrhea and respiratory diseases in Austrian Fleckvieh heifer calves. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany, 1.-6.8.2010.
- Fürst-Waltl, B., Köck, A. (2010). Jung und g'sund. Fleckvieh Austria - Das österreichische Magazin für Fleckviehzucht, 3, 4-5.
- Fürst-Waltl, B., Köck, A., Fürst, C., Egger-Danner, C. (2010). Was bringt ein Gesundheitszuchtwert? In: ZAR - Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Neue Lösungen für eine erfolgreiche und verantwortungsvolle Tierzucht. Gesundheitsmonitoring und genomische Selektion. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, 18.3.2010, Salzburg, 17-24.
- Köck, A., Fürst-Waltl, B., Egger-Danner, C., Fürst C., Obritzhauser, W. (2010). Fokus Fruchtbarkeit: Aktuelles aus dem Bereich der Fruchtbarkeitsstörungen. In: ZAR - Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Neue Lösungen für eine erfolgreiche und verantwortungsvolle Tierzucht. Gesundheitsmonitoring und genomische Selektion. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, 18.3.2010, Salzburg, 25-33.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Obritzhauser, W., Fuerst-Waltl, B. (2010). Genetic analysis of reproductive disorders and their relationship to fertility and milk yield in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. Journal of Dairy Science 93:2185-2194.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Obritzhauser, W., Fuerst-Waltl, B. (2010). Development of a genetic evaluation for fertility disorders in Austrian Fleckvieh cows. Interbull Bull. (in press).
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2010). Comparison of different models for genetic analysis of clinical mastitis in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. Journal of Dairy Science 93:4351-4358.
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2010). Genetic relationships between clinical mastitis and different somatic cell count

- traits in Austrian Fleckvieh cows. In: EAAP-Book of Abstracts No 16: 61th Annual Meeting of the EAAP, 23.-27.8.2010, Heraklion, 89.
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Winter, P., Fuerst-Waltl, B. (2010). Genetic analysis of clinical mastitis and different somatic cell count traits in Austrian Fleckvieh cows. *Journal of Dairy Science* 93, 5987-5995.
- Koeck, A., Heringstad, B., Wu, X.-L., Fuerst-Waltl, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Gianola, D. (2010). Exploring relationships between calving difficulty and reproductive disorders in Austrian Fleckvieh cows using a recursive threshold model. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany, 1.-6.8.2010.
- Schwarzenbacher, H., Obritzhauser, W., Fürst-Waltl, B., Köck, A., Egger-Danner, C. (2010). Health monitoring system in Austrian Dual Purpose Fleckvieh cattle: incidences and prevalences. In: EAAP-Book of Abstracts No 16: 61th Annual Meeting of the EAAP, 23.-27.8.2010, Heraklion, 145.
- Schwarzenbacher, H., Obritzhauser, W., Grassauer, B., Egger-Danner, C. (2010). Wofür brauchen wir Kennzahlen? In: ZAR - Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter , Neue Lösungen für eine erfolgreiche und verantwortungsvolle Tierzucht. Gesundheitsmonitoring und genomische Selektion. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, 18.3.2010, Salzburg, 35-40.
- Winter, P., Hofrichter, J., Obritzhauser, W., Zottl, K., Egger-Danner, C. (2010). Health monitoring in Austria – statistical models based on somatic cell count at cow level for early detection of udder health problems developed. In: International Committee for Animal Recording, Proceedings of the 37th Annual Meeting International Committee for Animal Recording, Riga, Lettland, 31.5.–4.6.

Weitere Präsentationen

Das Projekt war wiederholt Thema bei Sitzungen der verschiedenen Ausschüsse der ZAR (Zuchtverbände, Leistungsprüfung, Besamung, Genetik) aber auch bei ZAR-Vorstands- und ZuchtData-Aufsichtsratssitzungen, wo verschiedene Fragestellungen präsentiert und diskutiert wurden. Weiters wurde das Projekt auch in über die ZAR hinausgehenden Gremien vorgestellt und diskutiert (TGD-Beirat, VÖS-Vorstand,...). Weiters wurde das Projekt seitens der Projektleitung auch bei verschiedenen kleineren Veranstaltungen in den Bundesländern vorgestellt. Diese sind jedoch nicht

vollständig aufgelistet. Für die Zeitschriften der Zuchtverbände und Landeskontrollverbände wurden wiederholt Artikel über das Projekt zur Verfügung gestellt. Diese sind ebenfalls nicht einzeln angeführt.

Weitere Informationen zum Projekt sind auch auf der Homepage der ZAR unter <http://www.zar.at/article/archive/17114> zu finden.

Zum Projekt Gesundheitsmonitoring wurde ein Film erstellt, der bei der ZAR erhältlich ist. Des Weiteren wurde vom ORF ein Beitrag gefilmt, der am 8.1.2011 in der Sendung "Land und Leute" ausgestrahlt wird.

16 Kurzfassung

Das Forschungsprojekt Nr. 100250 „Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale“ wurde am Institut für Nutztierwissenschaften an der Universität für Bodenkultur Wien in Zusammenarbeit mit der ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH bearbeitet. Dieses Forschungsprojekt ist Teil des Gesamtprojektes „Gesundheitsmonitoring Rind“.

Im Rahmen dieses Projektes wurden Diagnosedaten, die von Tierärzten erfasst werden, ausgewertet. Ziel des Projektes war es eine Zuchtwertschätzung zur genetischen Verbesserung der Tiergesundheit in der Rinderzucht zu entwickeln.

Folgende Arbeiten wurden durchgeführt:

- Literaturstudium
- Umfangreiche Datenqualitätsanalysen
- Berechnung von Inzidenzen
- Merkmalsdefinition (Zeiträume, Einzelmerkmale oder zusammengefasste Merkmale)
- Analyse der Umwelteffekte
- Genetische Analyse von Gesundheitsmerkmalen (Durchfall, Atemwegserkrankungen, Mastitis, Fruchtbarkeitsstörungen) beim Fleckvieh und Braunvieh
- Methodenvergleich Mastitis: threshold (probit, logit) und lineare Modelle
- Methodenvergleich Ovulationsstörungen: lineare Modelle und survival Analyse
- Erste Testläufe einer Routine-Zuchtwertschätzung
- Ableitung wirtschaftlicher Gewichte
- Zuchtplanungsrechnungen

17 Summary

The research project 100250 „Health monitoring in cattle: development of genetic evaluation for health traits“ was carried out at the University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna, Division of Livestock Sciences in cooperation with the ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH. This research project is part of the whole Austrian project “Health monitoring in cattle”.

In the framework of the project diagnoses data from veterinarians were analyzed. The objective of this research project was to develop a breeding value estimation for health traits.

The following tasks were carried out:

- Study of literature
- Data quality and data validation
- Calculation of incidence rates
- Trait definition (opportunity period, single vs. complex trait definitions)
- Investigation of environmental effects
- Genetic analysis of health traits (diarrhea, respiratory diseases, mastitis, fertility disorders) for Fleckvieh and Brown Swiss
- Model comparison for clinical mastitis – threshold (probit, logit) and linear models
- Model comparison for ovulatory disorders – linear models and survival analysis
- First runs of a routine genetic evaluation
- Derivation of economic values
- Model calculations

Anlagen

1: TGD-Programm Gesundheitsmonitoring

2: Werkzeuge für das Herdenmanagement

3: Genetische Parameter für die Zuchtplanungsrechnungen

4: Gesundheits-Zuchtwerte: Zuchtwerte Mastitis, Fruchtbarkeit und Co.

TGD-Programm Gesundheitsmonitoring Rind

Version 4: 2.11.2010

Präambel:

Der Tiergesundheitsdienst ist eine auf Dauer angelegte Einrichtung, mit dem Ziel der Beratung landwirtschaftlicher Tierhalter und der Betreuung von Tierbeständen zur Minimierung des Einsatzes von Tierarzneimitteln und der haltungsbedingten Beeinträchtigungen bei der tierischen Erzeugung, in der Landwirte und Tierärzte vertreten sind (§ 1 Abs. 2 Tiergesundheitsdienst-Verordnung(TGD-VO) 2009).

Die Häufigkeit, mit der Erkrankungen und Funktionsstörungen bei Rindern vorkommen, lässt Rückschlüsse auf Mängel in der Haltung, der Fütterung und im Management in einem Rinderbestand zu. Durch den Vergleich von Erkrankungshäufigkeiten eines Rinderbestandes mit den durchschnittlichen Erkrankungshäufigkeiten in anderen Rinderbeständen können Verbesserungspotentiale für die Tiergesundheit im Bestand aufgezeigt werden. Durch die Bewertung der Veränderung der Erkrankungshäufigkeiten im zeitlichen Verlauf kann die Wirksamkeit gesetzter Maßnahmen dargestellt werden. Neu entstehende Gesundheitsprobleme können frühzeitig festgestellt und Maßnahmen zu deren Vermeidung gesetzt werden.

Die Einschätzung des Gesundheitszustandes des Bestandes ist Teil jeder TGD-Betriebserhebung (TGD-VO 2009, Anhang 3, Ziffer 5b).

Das TGD-Programm Gesundheitsmonitoring Rind ermöglicht die Evaluierung der Gesundheitssituation des Bestandes durch die Berechnung von Diagnosehäufigkeiten auf Ebene des Rinderbestandes im zeitlichen Verlauf sowie im Vergleich zu den durchschnittlichen Diagnosehäufigkeiten in Rinderbeständen eines Bezirkes / einer Region und des Bundeslandes. Die Datengrundlage für die Berechnung der Diagnosehäufigkeiten wird mit den vom behandelnden Tierarzt erhobenen Diagnosen erstellt. Die Diagnosen werden durch den Tierarzt codiert. Die Diagnosecodes werden an die Datenbank des Rinderdatenverbundes (österreichweite Datenbank) weitergeleitet und dort zentral gespeichert. Die Datenauswertungen werden von der ZuchtData EDV-Dienstleistungen durchgeführt und den teilnehmenden TGD-Betrieben und TGD-Tierärzten elektronisch zur Verfügung gestellt.

Voraussetzungen für die Teilnahme eines TGD-Betriebes am TGD-Programm Gesundheitsmonitoring Rind:

- Meldung der Teilnahme am Programm Gesundheitsmonitoring Rind beim TGD jenes Bundeslandes, in dem die TGD-Mitgliedschaft besteht.
- Mitgliedschaft beim Landeskontrollverband (LKV) des Bundeslandes, in dem die TGD-Mitgliedschaft besteht:
 - reguläre Mitgliedschaft oder
 - LKV „G“

Ist der Betrieb nicht Mitglied bei der Leistungsprüfung des LKV, so besteht im Rahmen des TGD-Programmes Gesundheitsmonitoring Rind die Möglichkeit, eine Mitgliedschaft „G“ beim LKV einzugehen. Diese Mitgliedschaft ist die Voraussetzung zur Erfassung und Verarbeitung der Daten des Betriebes in der Datenbank des RinderDatenVerbundes (RDV).

- Zustimmungserklärung zur Erfassung, Speicherung und Verarbeitung von Diagnosedaten und zur Datenweitergabe im Rahmen des TGD-Programmes Gesundheitsmonitoring Rind (Anhang).

Die Zustimmung zur Diagnosedatenerfassung und Datenweitergabe wird vom Tierarzt mit der Anmeldung zur Programmteilnahme eingeholt und an den zuständigen LKV weitergeleitet. Dieser speichert die Informationen in der Datenbank RDV.

Methodik der Datenerfassung und Datenspeicherung

Dokumentation und Codierung der Diagnosen auf dem Arzneimittelabgabe, Anwendungs- und Rückgabebeleg:

Gem. Tierarzneimittelkontrollgesetz und Tiergesundheitsdienstverordnung sind Diagnosen auf den Arzneimittelabgabe-, Anwendungs- und Rückgabebelegen verpflichtend zu dokumentieren. Bei der Dokumentation der Diagnosen ist gemäß Kundmachung des BMGF GZ 74.200/0012 – IV/D/8/2006 vom 19. April 2006 die Diagnose vom Tierarzt mit einem 2-stelligen Diagnosecode zu versehen. Der standardisierte Diagnoseschlüssel ist der angeführten Kundmachung zu entnehmen. Mit Zustimmung des Landwirtes wird die Tieridentität, die Betriebsnummer die Diagnose und das Datum der Diagnosestellung erfasst und im RDV gespeichert.

Datenübermittlung:

Die Diagnosen werden von den LKV-Mitarbeitern im Zuge der Leistungskontrolle erfasst oder von den Tierärzten direkt an den RDV elektronisch übermittelt (Beschreibung der elektronischen Schnittstelle im Anhang). Diagnosedaten von nicht der Milchleistungskontrolle unterliegenden Betrieben sind vom Tierarzt elektronisch an die Datenbank des RDV zu übermitteln.

Datenbank:

In der Datenbank des Rinderdatenverbundes werden die Stammdaten aller am Programm teilnehmenden Rinderbestände, sofern vorhanden die Daten der Leistungskontrolle, und die Diagnosedaten gespeichert. Die Diagnosedaten durchlaufen vor ihrer Verspeicherung eine Plausibilitätskontrolle (Anhang).

Datenschutz

Für die Verwendung der Daten und die Einhaltung der Datenschutzbestimmungen sind Datenschutzerklärungen und Zustimmungserklärungen von den am Programm teilnehmenden Landwirten und Tierärzten zu unterschreiben (Anhang). Auswertungen aus der Datenbank des RDV mit Personenbezug werden nur den betreffenden Landwirten und den sie betreuenden Tierärzten zur Verfügung gestellt.

Datenschutz-Tierarzt: Die Diagnosen werden anonymisiert gespeichert. Es ist kein Personenbezug zum behandelnden Tierarzt herstellbar, d.h. die gespeicherten Daten lassen keinen Rückschluss auf den behandelnden Tierarzt zu.

Datenschutz-Landwirt: Dem Landwirt sind nur jene Diagnosen zugänglich, die auf seinem Betrieb gestellt wurden.

Datenauswertungen, Gesundheitsberichte

a. Auswertungen auf Betriebsebene

Folgende Auswertungen stehen zur Verfügung:

Tagesbericht mit Gesundheitsmonitoring (ausschließlich für Betriebe mit Milchleistungskontrolle (Beispiel im Anhang)).

Jahresbericht Tiergesundheit (Beispiel im Anhang)

Kurzübersicht Jahresbericht Tiergesundheit (Beispiel im Anhang)

Betriebserhebungsprotokoll für TGD-Betriebserhebung.

Der Jahresbericht Tiergesundheit wird am Ende des Kontrolljahres dem Landwirt und dem Tierarzt übermittelt. Tagesaktuelle Jahresberichte können jederzeit über die TGD-Datenbanken oder den Internetlink (Anhang) abgerufen werden.

b. Überbetriebliche Auswertungen:

Die überbetrieblichen Auswertungen dienen der Berechnung von Referenz- und Zielparametern für die betrieblichen Auswertungen. Als Datenbasis für die überbetrieblichen Auswertungen werden validierte Diagnosedaten verwendet.

Folgende Validierungskriterien werden für die Ermittlung des Datensatzes für die überbetrieblichen Auswertungen herangezogen:

- Nur LKV-Betriebe unter Milchleistungsprüfung
- Kontinuierliche Diagnosedatenlieferung
- Mindestens 0,1 Erstdiagnosen pro Kuh und Jahr

Die unter Zugrundelegung dieses Datensatzes errechneten Referenzwerte und Zielparameter werden auf den Jahresberichten Tiergesundheit den betrieblichen Auswertungen gegenübergestellt.

Überbetriebliche Auswertungen werden den TGD-Geschäftsstellen zur Verfügung gestellt.

Programmnutzen für Landwirt und Tierarzt:

- Betriebserhebung: Die Gesundheitsberichte (Jahresbericht Tiergesundheit, tagesaktuell oder zum Ende des Kontrolljahres erstellt) dienen als Grundlage zur Einschätzung des Gesundheitszustandes des Bestandes im Rahmen der Betriebserhebung gem. Anhang 3, Ziffer 5b TGD-VO 2009.
- Grundlage für Maßnahmen zur Verbesserung der Tiergesundheit: Die Gesundheitsberichte, insbesondere die Tagesberichte mit Gesundheitsmonitoring, sind eine wesentliche Hilfe für das laufende Betriebsmanagement zur Verbesserung der Tiergesundheit und für das Monitoring festgesetzter Maßnahmen zur Verbesserung der Tiergesundheit.
- Grundlage für allfällige Spezialberatungen: Die Gesundheitsberichte sind eine wesentliche Datengrundlage für gem. Anhang, Ziffer 8, TGD-VO 2009 erforderliche Spezialberatungen.

Programmnutzen für die Tiergesundheitsdienste:

- Beobachtung des Tiergesundheitsstatus im TGD: Die überbetrieblichen Auswertungen versetzen den TGD in die Lage, Veränderungen des Tiergesundheitsstatus im TGD zu verfolgen und ggf. Maßnahmen zu ergreifen.
- Grundlage für Maßnahmen zur Verbesserung der Tiergesundheit: Derartige Maßnahmen können sein:
 - Fortbildungen für TGD-Tierärzte und TGD-Landwirte, die auf spezielle, im Rahmen der überbetrieblichen Auswertungen erkennbare Tiergesundheitsprobleme eingehen;
 - Spezialprogramme, die auf die Verbesserung spezieller, im Rahmen der überbetrieblichen Auswertungen erkennbarer Tiergesundheitsprobleme abzielen.

Anlagen:

1. Datenschutzerklärung – Teilnahmeerklärung, Zustimmung zur Erfassung, Speicherung und Verarbeitung von Diagnosedaten und zur Datenweitergabe
2. Diagnoseschlüssel
3. Auszug aus der Kundmachung GZ 74.200/0012-IV/B/8/2006 vom 25.04.2006
4. Schnittstellenbeschreibung
5. Plausibilitätskontrolle
6. Webaufruf
7. Beispielsberichte
 - a. Betriebserhebungsprotokoll
 - b. Tagesbericht
 - c. Jahresbericht
 - lang
 - kurz

TGD-Programm Gesundheitsmonitoring

Teilnahmeerklärung Landwirt (Bewirtschafter):

1. Ich.....

PLZ/Ort: Strasse, Nr.:

Tel.Nr.: E-Mail:.....

LFBIS-Nr.:

LKV-Mitglied: ja nein *

nehme am TGD-Programm Gesundheitsmonitoring teil. Die Teilnahme am TGD-Programm Gesundheitsmonitoring Rind wird durch den TGD gem. §15 Absatz 2, TGD-Verordnung 2009 registriert.

2. Ich nehme zur Kenntnis, dass die Teilnahme am TGD-Programm Gesundheitsmonitoring nur erfolgen kann, wenn ich der Diagnosedatenerfassung sowie der Datenweitergabe an den betreuenden TGD-Tierarzt zustimme. Für die Erfassung, Speicherung und Verarbeitung der Diagnosedaten ist die Mitgliedschaft beim Landeskontrollverband (LKV) notwendig. *Von Nicht-LKV-Mitgliedern ist die beiliegende Beitrittserklärung zum LKV (Sondermitgliedschaft „G“) zu unterzeichnen.

Zustimmung zur Erfassung, Speicherung und Verarbeitung von Diagnosedaten:

3. Ich stimme dem elektronischen Abgleich der Teilnahme am TGD-Programm Gesundheitsmonitoring zwischen TGD und LKV zu.

4. Ich gebe dem LKV die Zustimmung zur elektronischen Erfassung, Speicherung und Verarbeitung der Daten vom Arzneimittelanwendungs-, Arzneimittelabgabe und Arzneimittelrückgabebeleg. Erfasst werden Tierarztnummer, LFBIS-Nummer, Tieridentität, Diagnose und Diagnosedatum von Erstbehandlungen.

5. Ich erkläre, dass diese Daten gemäß § 8 Abs. 1 Z 2 Datenschutzgesetz 2000, BGBl. I Nr. 165/1999 i.d.g.F. für die Zuchtwertschätzung für männliche Tiere, die Erstellung von Auswertungen über die Tiergesundheit (Gesundheitsberichte) und wissenschaftliche Auswertungen herangezogen werden können. Betriebs- und personenbezogene Daten dürfen nicht an Dritte weitergegeben und veröffentlicht werden.

Zustimmung zur Datenweitergabe:

6. Ich erkläre meine ausdrückliche Zustimmung gemäß § 8 Abs. 1 Z 2 Datenschutzgesetz 2000, BGBl. I Nr. 165/1999 i.d.g.F., dass der LKV die für meinen Betrieb im Rinderdatenverbund (RDV) verfügbaren Daten ausschließlich an

Tierarzt:.....

PLZ/Ort:.....Strasse, Nr.:.....

Tel.Nr.:E-Mail:.....

zur Auswertung im Rahmen seiner Betreuung meines Betriebes übermitteln darf. Eine Weitergabe der Daten an sonstige Dritte ist nicht zulässig.

7. An den unter 6. genannten Betreuungstierarzt dürfen die LFBIS-Nr. und Betriebsstammdaten, die Tierstammdaten und die im RDV verarbeiteten Leistungs-, Fruchtbarkeits- und Tiergesundheitsdaten weitergegeben werden. Die Datenweitergabe soll erfolgen als:

Tagesbericht mit GMON Jahresbericht Tiergesundheit Stammdaten Herdenmanagementdaten

8. Diese Zustimmungserklärungen gelten für unbestimmte Zeit. Ich kann sie aber jederzeit schriftlich beim TGD widerrufen. Der TGD hat in diesem Fall die sofortige Einstellung aller Datenerfassungen und Datenübermittlungen beim LKV zu veranlassen. Mit Beendigung des Betreuungsverhältnisses endet auch die Zustimmung zur Datenweitergabe an den Betreuungstierarzt.

Datum

Unterschrift Landwirt (Bewirtschafter)

Erklärung Tierarzt:

Ich nehme zur Kenntnis, dass ich gem. Kundmachung des BM für Gesundheit GZ 74.200/0012 – IV/D/8/2006 vom 19. April 2006 verpflichtet bin in Betrieben, die am TGD-Programm Gesundheitsmonitoring teilnehmen, die Diagnosen auf den Arzneimittelanwendungs- und Abgabebelegen vollständig zu codieren.

Ich bestelle die Herdenmanagementdaten.

Ich nehme zur Kenntnis, dass damit Kosten entstehen können. (Auskunft gibt der zuständige LKV)

Datum

Stempel und Unterschrift Tierarzt

Diagnoseschlüssel

Diagnoseschlüssel Rind		Fruchtbarkeits- und Abkalbestörungen	68 Festliegen infolge Erkrankung des Bewegungsapparates
spezifische Kalberkrankheiten		41 Gebärmutterentzündung	69 Krankheiten des Schwanzes
11 Nabelentzündung	42 Stillbrunst, Azyklie	43 Ovarialzysten	Erkrankungen der Atemwege
12 Nabelbruch	44 Scheidenvorfall	45 Abortus und andere Störungen der Gravidität	71 Erkrankungen der oberen Luftwege
13 Sehnenkontraktur	46 Schweregeburt	47 Geburtsverletzungen	72 Lungenentzündung
14 Missbildungen	48 Nachgeburtsverhaltung	49 puerperale Erkrankungen	73 andere Lungenerkrankungen
15 Ikterus haemolyticus neonatorum	Eutererkrankungen		Herz-, Kreislauf- und Bluterkrank., Erkrank. des Hamtraktes
16 Kälberdurchfall	51 akute Euterentzündung	52 chronische Euterentzündung	81 Herzerkrankungen
17 andere Krankheiten des Kalbes	53 Erkrankungen der Euter- und Zitzenhaut	54 Euterödem	82 Septikämie, Anämie
Erkrankungen des Verdauungstraktes		55 Andere Eutererkrankungen	83 Piroplasmose und andere Parasitosen des Blutes
21 Durchfall	56 Antibiotisches Trockenstellen	Klaufen- und Gliedmaßenkrankungen	
22 Tympanie	61 Panaritium, Mortellaro	62 Klauengeschwür, Krankheiten der Gelenke an den Klauen	91 ZNS-Erkrankungen
23 Pansenübersäuerung	63 Klauenrehe	64 Frakturen, Luxationen, andere Gliedmaßenverletzungen	92 Erkrankungen der Sinnesorgane
24 Fremdkörpererkrankung	65 Krankheiten von Muskeln und Sehnen	66 spastische Parese, Paralyse	93 Parasitosen und Infektionen der Haut
25 Labmagenverlagerung	67 Peritarsitis	ZNS-Erkrankungen, Hauterkrankungen, Infektionen	
26 Darmverschluss	27 andere Erkrankungen der Bauchhöhle	28 Erkrankungen der Maulhöhle	94 Erkrankung der Hörer
29 Erkrankungen der Speiseröhre	Stoffwechselerkrankungen		95 andere Hauterkrankungen
31 Gebärparese, Hypocalcämie	31 Gebärparese, Hypocalcämie	32 Tetanie	96 Allgemeinfektionen
32 Tetanie	32 Tetanie	33 Azetonämie	Sonstige Erkrankungen
33 Azetonämie	34 andere Stoffwechselerkrankungen	35 Vergiftungen	01 Abmagerung, Kachexie
34 andere Stoffwechselerkrankungen			02 verminderte Fresslust, Inappetenz
35 Vergiftungen			03 Fieber, fieberhafte Allgemeinerkrankung
			00 ohne Diagnose

Artikel 4

Das in der Anlage 1 enthaltene Formular muss in der inhaltlichen, nicht aber in der formalen Gestaltung entsprechen und ist bei Teilnahme am Projekt „Etablierung eines Gesundheitsmonitorings für eine auf Nachhaltigkeit und Wirtschaftlichkeit ausgerichtete Rinderzucht und Lebensmittelproduktion“ vollständig auszufüllen.

Bei Nichtteilnahme am Projekt sind die Felder „Diagnoseschlüssel“ (zweistelliger Code), „Veterinärnummer“ und „Nachbehandlung“ optional, alle übrigen Felder vollständig und leserlich auszufüllen.

Arzneimittelanwendungs-, Arzneimittelabgabe- und Arzneimittelrückgabebeleg / 20 .. Anlage 1
Lfd.Nr / Jahr

Betrieb: (Name und Anschrift) LFBISNr.: <input style="width: 100px; height: 20px;" type="text"/>	Legende: B=Behandlung durch Tierarzt NB=Nachbehandlung durch Tierarzt A=Abgabe von TAM R=Rückgabe an den Tierarzt Tierarten (TA) Rd = Rind Schw = Schwein Schf = Schaf Zg = Ziege Gfl = Geflügel S = Sonstiges	Tierarzt: (Name, Anschrift und Nr.) <input style="width: 100px; height: 20px;" type="text"/>
---	--	---

	TA	Identität der/s Tiere/s OhrenmarkenNr BoxenNr.	Diagnose- schlüssel (2-stellig)*	Menge	Arzneimittel- bezeichnung/ ChargenNr	Genauere Anleitung (Anwendungsmenge /- art, Dosierung pro Tier und Tag, Dauer der Anwendung, Mischanleitung)	Wartezeit in Tagen		
							Fleisch	Milch	
BO AO RO		<input style="width: 100%; height: 20px;" type="text"/>	<input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/>						
		NB O							
BO AO RO		<input style="width: 100%; height: 20px;" type="text"/>	<input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/>						
		NB O							
BO AO RO		<input style="width: 100%; height: 20px;" type="text"/>	<input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/>						
		NB O							

*Gemäß dem in den Amtlichen Veterinärnachrichten veröffentlichten Diagnoseschlüssel.
 **Ich bestätige, dass ich vom Tierarzt über die Einhaltung der Wartezeiten gemäß § 12 Rückstandskontrollverordnung 2006 informiert wurde.

Unterschrift des Tierhalters**)

Unterschrift des Tierarztes
_____. _____. 20____
Datum (Tag/Monat/Jahr)

Diagnosedaten Tierarzt

Satzaufbau:

lfd. Nr.	Feld	Pflichteintrag	Format	Beispiel
1	Lebensnummer	ja	text	AT123456789, AT 123.456.789
2	Datum der Diagnose	ja	TT.MM.JJJJ	01.04.2006
3	Diagnosecode	ja	text (max 2)	FA
4	Nachbehandlung	ja	text (max 1)	J, N
5	Betriebsnummer	ja	zahl (7)	1234567
6	Tierarztnummer	ja	zahl (4)	1310

Feldinhalte:

1. Lebensnummer des Tieres
Lebensnummern im Format AT 123456789 oder AT 123.456.789
2. Datum der Diagnose
3. Diagnosecode
Codierung nach dem einheitlichen Diagnoseschlüssel auf dem Abgabebeleg.

11	Nabelentzündung	46	Schweregeburt
12	Nabelbruch	47	Geburtsverletzungen
13	Sehnenkontraktur	48	Nachgeburtsverhaltung
14	Missbildungen	49	puerperale Erkrankungen
15	Ikterus haemolyticus neonatorum	51	akute Euterentzündung
16	Kälberdurchfall	52	chronische Euterentzündung
17	andere Krankheiten des Kalbes	53	Erkrankungen der Euter- und Zitzenhaut
21	Durchfall	54	Euterödem
22	Tympanie	55	Andere Eutererkrankungen
23	Pansenübersäuerung	56	prophylaktisches Trockenstellen
24	Fremdkörpererkrankung	61	Panaritium, Mortellaro
25	Labmagenverlagerung	62	Klauengeschwür; Krankheiten der Gelenke an den Klauen
26	Darmverschluss	63	Klauenrehe
27	andere Erkrankungen der Bauchhöhle	64	Frakturen, Luxationen, andere Gliedmaßenverletzung
28	Erkrankungen der Maulhöhle	65	Krankheiten von Muskeln und Sehnen
29	Erkrankungen der Speiseröhre	66	spastische Parese, Paralyse
31	Gebärparese, Hypocalcämie	67	Peritarsitis
32	Tetanie	68	Festliegen infolge Erkrankung des Bewegungsapparat
33	Azetonämie	69	Krankheiten des Schwanzes
34	andere Stoffwechselkrankheiten	71	Erkrankungen der oberen Luftwege
35	Vergiftungen	72	Lungenentzündung
41	Gebärmutterentzündung	73	andere Lungenerkrankungen
42	Stillbrunst, Azyklie	81	Herzkrankungen
43	Ovarialzysten	82	Septikämie, Anämie
44	Scheidenvorfall		
45	Abortus und andere Störungen der Gravidität		

83	Piroplasmose und andere Parasitosen des Blutes	94	Erkrankung der Hörner
84	Leukose	95	andere Hauterkrankungen
85	Erkrankungen der Gefäße und der Milz	96	Allgemeinfektionen
86	Pyelonephritis	01	Abmagerung, Kachexie
87	Erkrankungen der Harnblase	02	verminderte Fresslust, Inappetenz
91	ZNS-Erkrankungen	03	Fieber, fieberhafte Allgemeinerkrankung
92	Erkrankungen der Sinnesorgane	00	ohne Diagnose
93	Parasitosen und Infektionen der Haut		

4. Nachbehandlung
Angabe, ob es sich bei der Diagnose um eine Nachbehandlung (J) oder eine Erstbehandlung (N) gehandelt hat.
5. Betriebsnummer
Betriebsnummer des Betriebes, auf dem die Diagnose gestellt wurde
6. Tierarztnummer
eindeutige Nummer des Tierarztes, der die Diagnose gestellt hat.

Datensatzstruktur:

Als Feldtrennzeichen wird ein Semikolon ";" verwendet.
Beispieldatensatz:

```
AT 123456789;01.01.2006;33;N;9876543;0589
```

Der Datensatz oder die Datenfelder dürfen nicht in Hochkommas eingeschlossen sein:

```
AT 123456789";"01.01.2006";"33";"N";"9876543";"0589"
```

Datenübertragung:

Die Anlieferung der Daten soll mittels E-Mail als Anhang (Bitte immer nur eine Datei!!) an die Adresse gesundheitsmonitoring@zuchtdata.at mit dem Betreff "Gesundheitsmonitoring-Diagnosedaten" erfolgen. Die Daten werden im csv Format erwartet mit Delimiter Semikolon ";".

Die so erhaltenen Daten werden laufend in den RDV geladen.

Bestätigung:

Die erfolgte Verarbeitung wird mittels Mail an den Absender mit der Information „Anzahl der gelieferten Datensätze“ bestätigt.

Im Anhang wird eine Datei mitgeschickt, in der im Fehlerfall die entsprechenden Daten und Fehlerhinweise dokumentiert werden.

Folgend Fehler sind möglich:

- Tier ist im RDV (noch) nicht vorhanden
- Diagnosdatum fehlt!!!
- Diagnose-Code fehlt!!!
- Diagnose-Code unbekannt!!!
- gemeldeter Betrieb unbekannt!!!
- unerwartetes Zeichen in Nummer

Anlage 5: Plausibilitätskontrolle

Kriterien für Plausibilitätskontrolle:

Allgemeine Plausibilitätskriterien beim Einspielen in die Datenbank:

1. Der Betrieb muss zum Diagnosedatum ein aktiver LKV-Betrieb und Gesundheitsmonitoring-Mitgliedsbetrieb sein.
2. Die Betriebsnummer (LFBIS) muss gültig sein.
3. Die übermittelte Tieridentität muss im RDV bekannt sein - ungültige oder unbekannte Tierohrmarken (Tieridentität) werden nicht gespeichert.
4. Die übermittelte Betriebsnummer muss mit dem im RDV bekannten Standort zum Zeitpunkt des Diagnosedatums übereinstimmen.
5. Diagnosedatum muss korrekt und plausibel sein (Diagnosedatum fehlt, Diagnosedatum ungültig oder Diagnosedatum in der Zukunft – nicht gespeichert)
6. Der Diagnosecode muss bekannt und gültig (lt. Diagnoseschlüssel) sein.
7. Pro Tier kann pro Tag nur einmal der gleiche Diagnosecode in der Datenbank gespeichert werden.
8. Bei elektronischer Übermittlung muss der Tierarzt bekannt sein und möglich sein (4stellige Zahl).

Der Tierarzt erhält Rückmeldungen, wenn die Diagnosen nicht in der Datenbank gespeichert werden können. Wenn die Kriterien 1-7 nicht erfüllt sind, kann auch der LKV-Mitarbeiter die Diagnosen nicht erfassen.

Diagnoseschlüssel		Plausibilitätsprüfung
spezifische Kälberkrankheiten		
11	Nabelentzündung	nur eine Erstdiagnose pro Tier/Kennzeichen
12	Nabelbruch	nur eine Erstdiagnose pro Tier/Kennzeichen
13	Sehnenkontraktur	nur eine Erstdiagnose pro Tier/Kennzeichen
14	Missbildungen	nur eine Erstdiagnose pro Tier/Kennzeichen
15	Ikterus haemolyticus neonatorum	nur eine Erstdiagnose pro Tier/Kennzeichen
16	Kälberdurchfall	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
17	andere Krankheiten des Kalbes	
Erkrankungen des Verdauungstraktes		
21	Durchfall	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
22	Tympanie	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
23	Pansenübersäuerung	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
24	Fremdkörpererkrankung	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
25	Labmagenverlagerung	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
26	Darmverschluss	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
27	andere Erkrankungen der Bauchhöhle	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
28	Erkrankungen der Maulhöhle	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
29	Erkrankungen der Speiseröhre	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
Stoffwechselkrankheiten		
31	Gebärparese, Hypocalcämie	nur eine Erstdiagnose je Laktation
32	Tetanie	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
33	Azetonämie	nur eine Erstdiagnose je Laktation
34	andere Stoffwechselkrankheiten	nur eine Erstdiagnose je Laktation
35	Vergiftungen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
Fruchtbarkeits- und Abkalbestörungen		
41	Gebärmutterentzündung	nur eine Erstdiagnose je Laktation
42	Stillbrunst, Azyklie	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 21 Tagen
43	Ovarialzysten	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
44	Scheidenvorfall	nur eine Erstdiagnose je Laktation
45	Abortus und andere Störungen der Gravidität	nur eine Erstdiagnose je Laktation
46	Schweregeburt	nur eine Erstdiagnose je Laktation
47	Geburtsverletzungen	nur eine Erstdiagnose je Laktation
48	Nachgeburtsverhaltung	nur eine Erstdiagnose je Laktation
49	puerperale Erkrankungen	nur eine Erstdiagnose je Laktation
Eutererkrankungen		
51	akute Euterentzündung	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
52	chronische Euterentzündung	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
53	Erkrankungen der Euter- und Zitzenhaut	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
54	Euterödem	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
55	Andere Eutererkrankungen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
Klauen- und Gliedmaßenkrankungen		
61	Panaritium, Mortellaro	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
62	Klauengeschwür; Krankheiten der Gelenke an den Klauen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 7 Tagen
63	Klauenrehe	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
64	Frakturen, Luxationen, andere Gliedmaßenverletzungen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
65	Krankheiten von Muskeln und Sehnen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
66	spastische Parese, Paralyse	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
67	Peritarsitis	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
68	Festliegen infolge Erkrankung des Bewegungsapparates	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
69	Krankheiten des Schwanzes	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
Erkrankungen der Atemwege		
71	Erkrankungen der oberen Luftwege	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
72	Lungenentzündung	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
73	andere Lungenerkrankungen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
Herz-, Kreislauf- und Bluterkrankungen, Erkrankungen des Harntraktes		
81	Herzkrankungen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
82	Septikämie, Anämie	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
83	Piroplasmose und andere Parasitosen des Blutes	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 14 Tagen
84	Leukose	nur eine Erstdiagnose pro Tier/Kennzeichen
85	Erkrankungen der Gefäße und der Milz	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
86	Pyelonephritis	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
87	Erkrankungen der Harnblase	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
ZNS-Erkrankungen, Hauterkrankungen, Infektionen		
91	ZNS-Erkrankungen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
92	Erkrankungen der Sinnesorgane	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
93	Parasitosen und Infektionen der Haut	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
94	Erkrankung der Hörner	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
95	andere Hauterkrankungen	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
96	Allgemeininfektionen	nur eine Erstdiagnose pro Tier/Kennzeichen
Sonstige Erkrankungen		
01	Abmagerung, Kachexie	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
02	verminderte Fresslust, Inappetenz	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
03	Fieber, fieberhafte Allgemeinerkrankung	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen
00	ohne Diagnose	nur eine Erstdiagnose innerhalb von 28 Tagen

Anlage 6: Webaufruf

Abruf der tagesaktuellen Jahresberichte und der TGD-Betriebserhebung:

Wenn der Landwirt die Zustimmung zur Datenweitergabe im Rahmen des TGD-Programmes Gesundheitsmonitoring erteilt hat, können tagesaktuelle Jahresbericht und/oder das vorausgefüllte Betriebserhebungsformular über das Internet abgerufen werden.

Zustimmungserklärung TGD-GMON: Die ausgefüllten Formulare sind zum zuständigen LKV zu senden. Sobald die Zustimmung zur Datenweitergabe in der Datenbank RDV erfasst ist, können die tagesaktuellen Jahresberichte tagesaktuell angefordert werden. Der Bericht wird innerhalb weniger Minuten als Email versendet.

Internetlink für tagesaktuelle Berichte:

Betriebserhebungsprotokoll Milchvieh:

https://web.rdv.at/ZDReport/ReportGenerator?lfbis=1234567&mail=mustermann@xx.xx&art=TGD_BETRIEBSERHEBUNG

Normaler Jahresbericht:

https://web.rdv.at/ZDReport/ReportGenerator?lfbis=1234567&mail=mustermann@xx.xx&art=JAHRESBERICHT_GMON

Kurzer Jahresbericht:

https://web.rdv.at/ZDReport/ReportGenerator?lfbis=1234567&mail=mustermann@xx.xx&art=KURZ_JB_GMON

Jeweils LFBIS-Nr. des Betriebes und Email-Adresse des Tierarztes einsetzen.

Betriebserhebungsprotkoll- <u>Milchviehbetrieb</u>	Erhebung Nr./Jahr:	____/20__
--	--------------------	-----------

LFBISNr: 1234567

Tierhalter Mustermann Max

Anzahl Milchkühe: 59

Datum der Erhebung Tierarzt

Pkt. 1 bis 3 sind bei jeder Betriebserhebung nachweislich zu überprüfen

		Ja	Nein			Ja	Nein
1. Arzneimitteldokumentation und -anwendung				6. Management			
1.1. Betriebsregister vorhanden		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.1. Fruchtbarkeit			
1.2. Anwendung lt. Therapieanweisung dokum.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.1.1. Abkalbung ohne Probleme		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
1.3. Anwendungstechnik i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Anzahl Erstdiagnosen	0		
1.4. Lagerung der Medikamente/Instrumente i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.1.2. Abortus kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
1.5. Kennzeichnung behandelter Tiere i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Anzahl Erstdiagnosen	0		
2. Tierschutz				6.1.3. Puerperale Erkrankungen kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
2.1. keine schwerwiegenden Verstöße		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Anzahl Erstdiagnosen	9		
2.2. keine augenscheinlichen Mängel		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.2. Eutergesundheit			
3. Tiergesundheitsstatus				6.2.1. Rohmilchqualität (S-Klasse) wird erreicht		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
3.1. Atemwegserkr. kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.2.2. Euterhygieneprogramm wird durchgeführt		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Anzahl Erstdiagnosen	8			6.2.3. Melkanlage wird regelmäßig überprüft		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
3.2. Fruchtbarkeitsstörung kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.2.4. Zitzenverletzung kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Anzahl Erstdiagnosen	16			Anzahl Erstdiagnosen	1		
erwartete Zwischenkalbezeit	418			6.2.5. Anzahl akuter Mastitiden/Jahr	12		
Erstbesamungsindex	1,6			6.2.6. Anzahl chronischer Mastitiden/Jahr	4		
3.3. Eutererkrankungen kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.3. Ernährungszustand			
Anzahl Erstdiagnosen	20			6.3.1. bei Kälbern i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Zellzahldurchschnitt	430			6.3.2. bei Kalbinnen i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Anteil Zellzahl über 200.000 in %	40,1			6.3.3. bei frischlaktierenden Kühen i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
3.4. Stoffwechselerkr. kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.3.4. bei in der Hochlaktation (6 Wo p.p.) i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Anzahl Erstdiagnosen	5			6.3.5. bei trockenstehenden Kühen i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Ø Fett-Eiweissquotient 1.-100.Laktationstag	1,22			6.4. Klauengesundheit			
Anteil Eiweißgehalt 1.-100.Tag kleiner 3%	22,4			6.4.1. Klauenpflege i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
3.5. Technopathien kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.4.2. Klauengesundheit i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
3.6. Bewegungsapparat kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.5. Abgänge			
Anzahl Erstdiagnosen	10			6.5.1. Zahl der Abgänge pro Jahr			
3.7. Durchfallerkr. kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	6.5.2. krankheitsbedingte Abgänge pro Jahr			
Anzahl Erstdiagnosen	0			6.5.3. Abgangsursachen:			
3.8. Ektoparasiten kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Gesamt/Krankheitsbedingt	7/3		
3.9. Hautveränderungen (Trich.) kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Unfruchtbarkeit	0		
Anzahl Erstdiagnosen	0			Infektionskrankheit	0		
3.10. Ernährungszustand kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Stoffwechsel	0		
3.11. Kälberkrankheiten kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Euter	2		
Anzahl Erstdiagnosen	3			Klauen	1		
Anzahl Totgeburten/Verendungen	6			6.6. Remontierung			
3.12. Nabelerkrankungen kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Anzahl Kühe mit mind. 5 Abkalbungen	38,3		
3.13. Andere Erkrankungen kein Bestandsproblem		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Anteil Kühe 1. Kalbung	23,3		
Anzahl Erstdiagnosen	0			Erstkalbealter in Monaten	32,5		
Wenn nein welche:						
4. Hygiene				6.7. Leistung			
4.1. Schutzbekleidung für betriebsfr. Personen		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Milchmenge in kg	8.285		
4.2. Nager/Ungeziefer/Fliegenbekämpfung i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Fett %	3,87		
4.3. keine Hygieneprobleme durch sonstige Tiere		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Eiweiß %	3,26		
4.4. Reinigung/Desinf./Kalkung ausreichend		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>				
4.5. Absonderung kranker Tiere möglich		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>				
4.6. kontrollierter Tierzukauf		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>				
5. Fütterung							
5.1. Futterlagerung i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>				
5.2. Fütterungshygiene i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>				
5.3. Wasserversorgung i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>				
5.4. Fütterungsmanagement i.O.		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>				

7. Haltung wurde kontrolliert <input type="radio"/> <input type="radio"/>				9. Gesundheitsprogramme			
"x" steht für Mängel vorhanden				Kühe	Kalbin	Kälber	9.1. Impfprogramme <input type="radio"/> <input type="radio"/>
7.1. sichtbare Schäden Aufstallung							o Rota <input type="radio"/> Corona <input type="radio"/> E. coli <input type="radio"/>
7.2. sichtbare Schäden Boden							o RSV <input type="radio"/> Parainfl <input type="radio"/> andere: <input type="radio"/>
7.3. Belegdichte/Platzangebot							9.2. Ektoparasitenbehandlung <input type="radio"/> <input type="radio"/>
7.4. Tier/Freßplatzverhältnis							9.3. Entwurmung <input type="radio"/> <input type="radio"/>
7.5. Lichtverhältnisse							9.4. Klauenbäder <input type="radio"/> <input type="radio"/>
7.6. Baumängel							9.5. Andere Programme; wenn ja, welche:
7.7. Andere:							
8. Stallklima wurde kontrolliert <input type="radio"/> <input type="radio"/>							
"x" steht für Mängel vorhanden				Kühe	Kalbin	Kälber	
8.1. Temperatur/Luftfeuchtigkeit/Zug							
8.2. Schadgase							
8.3. Lüftungsanlage							
8.4. Andere:							

Anmerkungen (z.B. Mängel, Beratungsbedarf, Handlungsplan)

Empfohlene diagnostische Maßnahmen:
 Blutproben Milchproben Kotproben Harnproben Hautgesch. Sektionen Futterprobe Tupferproben

 Unterschrift Landwirt

 Unterschrift Tierarzt



Vulgoname
Testbauer Mann
 Dorf 20
 1234 Testort

Landeskontrollverband Irgendwo
 1234 Teststadt, Teststraße 6
 office@lk-irgendwo.at, www.lkv.at
 T: 01234/5678-901

Ergebnis **21.08.2008** 19:00
 Kontrollintervall: 31 Tage
 LFBIS-Nr **1234567**
 Druckdatum: 03.09.2008 Liste 104

Ergebnis der Probemelkung

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	v_Mkg	M-kg	Fett%	Eiw%	Zellz.	FEQ	Harn.	KI
19	SELLA	AT 999.225.266	10	322	T	trocken						
21	GAMSA	AT 999.900.966	10	241	25,0	13,2	4,30	3,12 -	148	1,38	19	2
25	BLOAMA	AT 999.918.866	8	479	T	trocken						
31	BLUETE	AT 999.651.234	7	294	16,4	11,4	5,50	3,94 +	60	1,40	15	8
32	ZOE	AT 999.714.534	7	321	T	trocken						
35	GABI	AT 999.461.642	7	20	T	21,4	3,99	3,24	120	1,23	16	5
37	ASMIN	AT 999.560.542	6	194	22,6 !	17,4	5,41	3,17 -	175	1,71 +	25	2
41	STRAUSSA	AT 999.327.845	5	28	T	27,6	4,00	2,86 -	31	1,40	18	2
42	LOLITA	AT 999.857.145	6	11	T	28,2	4,03	3,33	16	1,21	17	5
43	BIENE	AT 999.326.745	5	215	21,2	12,4	4,75	3,30	243 !	1,44	23	5
44	SARA	AT 999.465.145	5	228	20,6	10,2	4,58	3,62	188	1,27	21	5
46	GULDA	AT 999.473.145	4	59	20,2 !	15,6	4,12	3,14 -	875 !	1,31	18	2
47	BLONDI	AT 999.131.347	4	268	17,6	9,4	5,12	3,79	90	1,35	16	5
48	SUMSI	AT 999.136.847	4	121	18,0 !	14,4	3,84	2,58 -	259 !	1,49	20	2
49	ZOFE	AT 999.139.247	3	379	T	trocken						
50	SCHOTZA	AT 999.743.247	3	239	20,4	11,2	3,67	3,59	169	1,02	13 -	4
51	GAZELLE	AT 999.380.147	3	330	T	trocken						
52	RANTEN	AT 999.438.272	3	74	21,4 !	16,2	4,14	2,85 -	65	1,45	19	2
54	LISA	AT 999.444.972	2	283	17,0	5,4	5,79	4,47 +	568 !	1,30	10 -	7
55	ANSCHI	AT 999.130.772	2	224	22,2	14,2	4,43	3,30	20	1,34	16	5
57	ZITTA	AT 999.142.272	2	60	16,6 !	10,0	5,10	3,24	13	1,57 +	22	5
58	BLIALA	AT 999.413.107	1	317	T	trocken						
59	SAMI	AT 999.410.707	1	287	14,2	trocken						
60	BETTY	AT 999.147.772	1	261	18,6	12,0	4,54	3,48	59	1,30	13 -	4
61	LIANE	AT 999.144.472	1	202	18,0	10,0	5,09	3,57	56	1,43	22	5
62	ZARA	AT 999.258.809	1	25		20,0	4,08	2,93 -	22	1,39	25	2
26 Kühe, in Milch 19		Su.	280,2 kg	211	19,4	14,7	4,41	3,24	146	1,36	19	

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	v_Mkg	M-kg	Fett%	Eiw%	Zellz.	FEQ	Harn.	KI
+1	Kühe, in Milch	+3	Su.	-29,8	kg	-4,7	+0,29	+0,09	+53	0,05	+4	

Gleitender Stalldurchschnitt

	Tage	Kuhanzahl	M-kg	F-%	F-kg	E-%	E-kg	F+Ekg
letzte 12 Monate	366	25,0	6.330	3,98	252	3,30	209	461
2007	365	23,2	7.255	3,89	282	3,28	238	520

Wichtige Hinweise zum Herdenmanagement von 21.05.08 bis 21.08.08

Eutergesundheit

2 Kühe wegen Eutererkrankungen behandelt

15% der Kühe (das sind 4 Kühe) weisen bei der aktuellen Kontrolle eine Zellzahl über 200.000 auf

Fütterung und Stoffwechsel

4 frischmelkende Kühe sind auf Grund der Inhaltsstoffe auffällig

2 altmelkende Kühe sind auf Grund der Inhaltsstoffe auffällig

Fruchtbarkeit

7 Kühe wegen Fruchtbarkeitsstörungen behandelt

Weitere Informationen

5 Kühe mit Leistungsabfall von mehr als 20% seit der letzten Kontrolle

1 Kalb totgeboren oder verendet innerhalb von 48 Stunden

Eutergesundheit

Kühe mit Zellzahl über 200.000 oder mit Euterdiagnosen

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	21.08.08 Zellzahl	21.07.08 Zellzahl	12.06.08 Zellzahl	
46	GULDA	AT 999.473.145	4	59	875	132	T	
54	LISA	AT 999.444.972	2	283	568	205	113	
48	SUMSI	AT 999.136.847	4	121	259	268	174	
43	BIENE	AT 999.326.745	5	215	243	108	48	
41	STRAUSSA	AT 999.327.845	4	28	31	T	T	Ⓧ
42	LOLITA	AT 999.857.145	5	11	16	T	T	Ⓧ

Fütterung und Stoffwechsel

Milchinhaltsstoffe nach Klassen

Klasseneinteilung	Kühe	M-kg	Fett%	Eiw%	Zellz.	FEQ	Harn.
1 - 15,0 kg	12	11,2	4,73	3,50	156	1,35	17
15,1 - 25,0 kg	5	18,1	4,35	3,07	251	1,42	21
25,1 - 35,0 kg	2	27,9	4,02	3,10	24	1,30	18
über 35,0 kg							
1. Lakt. 1 - 100 Tg.	1	20,0	4,08	2,93	22	1,39	25
1. Lakt. 101 - 200 Tg.							
1. Lakt. ab 200 Tg.	2	11,0	4,82	3,53	58	1,37	18
ab 2. Lakt. 1 - 100 Tg.	6	19,8	4,23	3,11	187	1,36	18
ab 2. Lakt. 101 - 200 Tg.	2	15,9	4,63	2,88	217	1,61	23
ab 2. Lakt. ab 200 Tg.	8	10,9	4,77	3,64	186	1,31	16

Frischlaktierende Kühe (bis 100. Melktag) mit Eiweißgehalt ≤ 3 und/oder FEQ $< 1,0$ oder $> 1,5$

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	21.08.08		21.07.08	
					Eiw%	FEQ	Eiw%	FEQ
41	STRAUSSA	AT 999.327.845	5	28	2,86	1,40		
52	RANTEN	AT 999.438.272	3	74	2,85	1,45	2,83	1,80
57	ZITTA	AT 999.142.272	2	60	3,24	1,57	2,89	1,37

Altmelkende Kühe (über 200. Melktag) mit Eiweißgehalt $\geq 3,8$ und/oder FEQ < 1

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	21.08.08		21.07.08	
					Eiw%	FEQ	Eiw%	FEQ
31	BLUETE	AT 999.651.234	7	294	3,94	1,40	3,59	0,79
54	LISA	AT 999.444.972	2	283	4,47	1,30	3,64	1,29
59	SAMI	AT 999.410.707	1	287			3,98	1,29

Weitere Informationen

Kühe (bis 200. Melktag) mit Leistungsabfall über 20% seit der letzten Kontrolle

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	21.08.08		21.07.08	
					Milch-kg	Milch-kg	Abweichung(%)	
37	ASMIN	AT 999.560.542	6	194	17,4	22,6		-23,0
46	GULDA	AT 999.473.145	4	59	15,6	20,2		-22,8
48	SUMSI	AT 999.136.847	4	121	14,4	18,0		-20,0
52	RANTEN	AT 999.438.272	3	74	16,2	21,4		-24,3
57	ZITTA	AT 999.142.272	2	60	10,0	16,6		-39,8

Diagnoseübersicht der letzten 3 Monate

Kühe

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Kalbung	Tg.	Diagnose
21	GAMSA	AT 999.900.966	10	24.12.07	153	25.05.08 Eierstockzysten

Kühe

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Kalbung	Tg.	Diagnose
41	STRAUSSA	AT 999.327.845	4	24.07.08	-60	25.05.08 chronische Euterentzündung
42	LOLITA	AT 999.857.145	5	10.08.08	-77	25.05.08 chronische Euterentzündung
43	BIENE	AT 999.326.745	5	19.01.08	127	25.05.08 Eierstockzysten
44	SARA	AT 999.465.145	5	06.01.08	149	03.06.08 Eierstockzysten
46	GULDA	AT 999.473.145	4	23.06.08	3	26.06.08 Nachgeburtsverhaltung
48	SUMSI	AT 999.136.847	4	22.04.08	48	09.06.08 Stillbrunst, Azyklie
55	ANSCHI	AT 999.130.772	2	10.01.08	161	19.06.08 Eierstockzysten
60	BETTY	AT 999.147.772	1	04.12.07	208	29.06.08 Eierstockzysten

Betriebsdatenübersicht und Fruchtbarkeit

Tier Nr. R	Name Lebensnummer	Abkalbung		Belegung und Belegstier			Leistungsdaten				
		Lakt. Eka/Zkz	Abk.dat. Rast/SP	Bel.datum Stiername	Sollkalb. Stiernummer	Gzw R	M-kg Mbk	lfd. Laktation Standardlaktation			
19 FL	SELLA AT 999.225.266	10 378	04.10.07 57/232	Ⓧ23.05.08(5) WINNETOU	09.03.09 AT 999.081.609	FL	T 271 271	5.998 5.998	3,22 3,22	3,15 3,15	382 382
21 FL	GAMSA AT 999.900.966	10 378	24.12.07 55/225	Ⓧ05.08.08(4) WINNETOU	22.05.09 AT 999.081.609	FL	13,2 241	6.273	4,00	2,99	438
25 FL	BLOAMA AT 999.918.866	8 357	30.04.07	Ⓧ			T 282 282	8.517 8.517	2,87 2,87	3,07 3,07	506 506
31 FL	BLUETE AT 999.651.234	7 397	01.11.07 55/147	Ⓧ27.03.08(2) HARKO	11.01.09 AT 999.027.514	FL	11,4 294	6.813	3,24	3,29	445
32 FL	ZOE AT 999.714.534	7 379	05.10.07 53/53	Ⓧ27.11.07(1) VANSTEIN	12.09.08 DE 09 34586859	140 FL	T 270 270	5.396 5.396	5,02 5,02	3,41 3,41	455 455
35 FL	GABI AT 999.461.642	7 345	01.08.08				21,4 20	428	4,00	3,25	31
37 FL	ASMIN AT 999.560.542	6 480	09.02.08 45/45	25.03.08(1) WINNETOU	09.01.09 AT 999.081.609	FL	17,4 194	5.763	3,88	2,88	390
41 FL	STRAUSSA AT 999.327.845	5 403	24.07.08				27,6 28	773	4,00	2,86	53
42 FL	LOLITA AT 999.857.145	6 334	10.08.08				28,2 11	310	4,03	3,32	23
43 FL	BIENE AT 999.326.745	5 425	19.01.08 58/136	Ⓧ03.06.08(3) WINNETOU	20.03.09 AT 999.081.609	FL	12,4 215	5.767	3,62	2,95	379
44 FL	SARA AT 999.465.145	5 428	06.01.08 40/158	Ⓧ12.06.08(3) HARKO	29.03.09 AT 999.027.514	FL	10,2 228	5.535	3,81	3,19	387
46 FL	GULDA AT 999.473.145	4 513	23.06.08 28/28	Ⓧ21.07.08(1) WINNETOU	Ⓧ07.05.09 AT 999.081.609	FL	15,6 59	1.119	4,32	3,23	84
47 FL	BLONDI AT 999.131.347	4 348	27.11.07 55/55	21.01.08(1) REGIO	06.11.08 DE 09 18174246	126 FL	9,4 268	7.111	3,68	3,21	490
48 FL	SUMSI AT 999.136.847	4 406	22.04.08 55/97	Ⓧ28.07.08(2) HARKO	14.05.09 AT 999.027.514	FL	14,4 121	3.188	3,38	2,85	199
49 FL	ZOFE AT 999.139.247	3 351	08.08.07(S) 69/124	Ⓧ10.12.07(2) VANSTEIN	25.09.08 DE 09 34586859	140 FL	T 328 305	6.643 6.298	4,12 4,08	3,46 3,42	504 473

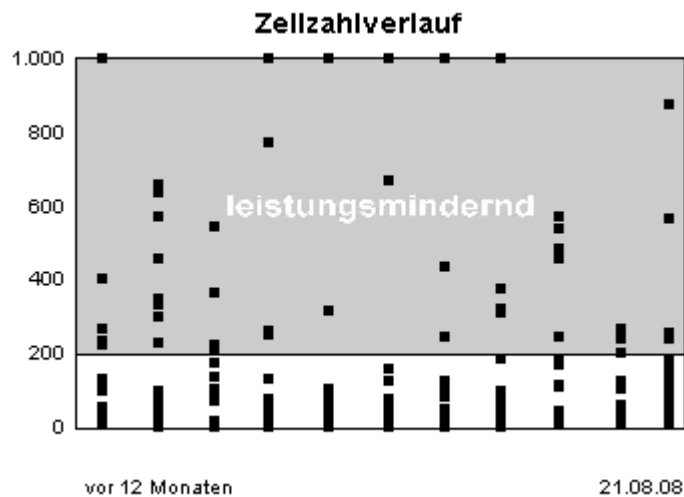
Tier Nr. R	Name Lebensnummer	Abkalbung		Belegung und Belegstier			Leistungsdaten			
		Lakt. Eka/Zkz	Abk.dat. Rast/SP	Bel.datum Stiername	Sollkalb. Stiernummer	Gzw R	M-kg Mbk	Ifd. Laktation Standardlaktation		
50 FL	SCHOTZA AT 999.743.247	3 378	26.12.07 72/118	Ⓧ22.04.08(2) HARKO AT 999.027.514	06.02.09	FL	11,2 239	5.824 3,86 3,29	416	
51 FL	GAZELLE AT 999.380.147	3 360	26.09.07 40/61	26.11.07(2) WEINOLD DE 09 33663105	11.09.08	138 FL	T 279	5.661 4,30 3,60	448	
52 FL	RANTEN AT 999.438.272	3 336	08.06.08 51/51	29.07.08(1) WATERBERG DE 09 32739095	15.05.09	129 FL	16,2 74	1.500 4,93 2,83	117	
54 FL	LISA AT 999.444.972	2 341	12.11.07 69/69	20.01.08(1) WEINOLD DE 09 33663105	05.11.08	138 FL	5,4 283	7.577 3,74 3,11	520	
55 FL	ANSCHI AT 999.130.772	2 334	10.01.08 50/220	Ⓧ17.08.08(5) WINNETOU AT 999.081.609	03.06.09	FL	14,2 224	5.672 4,44 3,18	432	
57 FL	ZITTA AT 999.142.272	2 326	22.06.08 27/48	09.08.08(2) HARKO AT 999.027.514	26.05.09	FL	10,0 60	890 4,17 2,96	63	
58 FL	BLIALA AT 999.413.107	1 33 Mo.	09.10.07 25/47	Ⓧ25.11.07(2) ILION DE 09 36284807	10.09.08	135 FL	T 266	4.513 4,32 3,86	369	
59 FL	SAMI AT 999.410.707	1 35 Mo.	08.11.07 44/44	22.12.07(1) HOCHARN AT 999.655.514	07.10.08	FL	T 271	5.480 3,99 3,58	415	
60 FL	BETTY AT 999.147.772	1 36 Mo.	04.12.07 74/232	Ⓧ23.07.08(4) HARKO AT 999.027.514	Ⓧ09.05.09	FL	12,0 261	5.715 4,33 3,53	449	
61 FL	LIANE AT 999.144.472	1 39 Mo.	01.02.08 47/47	19.03.08(1) HARKO AT 999.027.514	03.01.09	FL	10,0 202	4.400 4,35 3,29	336	
62 FL	ZARA AT 999.258.809	1 35 Mo.	27.07.08				20,0 25	500 4,08 2,94	35	

KALBINNEN		geboren	Belegung und Belegstier		Abstammung	
FL	GUSTI AT 999.418.607	30.05.05	01.01.08(2) RIO AT 999.808.972	17.10.08	FL	V: MIKO ET AT 999.226.645 M: GUNDI AT 999.474.242
FL	GABRIELE AT 999.423.307	19.08.05	Ⓧ21.01.08(4) RIO AT 999.808.972	06.11.08	FL	V: RUMBA AT 999.710.746 M: GABI AT 999.461.642
FL	LOREN AT 999.259.909	27.09.05	15.01.08(2) HARKO AT 999.027.514	31.10.08	FL	V: WEINOLD DE 09 33663105 M: LOLITA AT 999.857.145
FL	SCHOLLE AT 999.264.609	01.11.05	Ⓧ09.03.08(2) REINHOLD DE 09 40600189	24.12.08	FL	V: MIKO ET AT 999.226.645 M: SCHOTZA AT 999.743.247
FL	RESI AT 999.960.814	03.08.06				V: RIO AT 999.808.972 M: RANTEN AT 999.438.272
FL	GERTI AT 999.963.214	10.09.06				V: WEINOLD DE 09 33663105 M: GABI AT 999.461.642
FL	GRAZIE AT 999.964.314	21.09.06				V: REGIO DE 09 18174246 M: GRÄFIN AT 999.441.672
FL	SISSI AT 999.965.414	21.09.06				V: FERRARI AT 999.505.711 M: SELLA AT 999.225.266
FL	ZIRBE AT 999.966.514	21.09.06				V: REGIO DE 09 18174246 M: ZOE AT 999.714.534
FL	BRIMA AT 999.967.614	30.09.06				V: RAMMSTEIN DE 09 32381310 M: BLUETE AT 999.651.234
FL	SUSI AT 999.970.114	04.11.06				V: RUMBA AT 999.710.746 M: SARA AT 999.465.145

KALBINNEN	geboren	Belegung und Belegstier	Abstammung
SALI FL AT 999.971.214	04.11.06		V: RUMBA AT 999.710.746 M: SARA AT 999.465.145
LAGUNE FL AT 999.973.414	06.12.06		V: MADERA DE 09 18923365 M: LISA AT 999.444.972
ANTIKE FL AT 999.979.114	10.02.07		V: HARLEKIN AT 999.218.545 M: ANSCHI AT 999.130.772
BENITA FL AT 999.736.714	23.03.07		V: WEINOLD DE 09 33663105 M: BERNI AT 999.220.745
GITTA FL AT 999.177.914	27.06.07		V: VANSTEIN DE 09 34586859 M: GITTA AT 999.321.245
ZENZI FL AT 999.811.814	08.08.07		V: RAINER DE 09 32627221 M: ZOFE AT 999.139.247
LONI FL AT 999.813.114	11.09.07		V: MANDELA DE 09 35684041 M: LOLITA AT 999.857.145

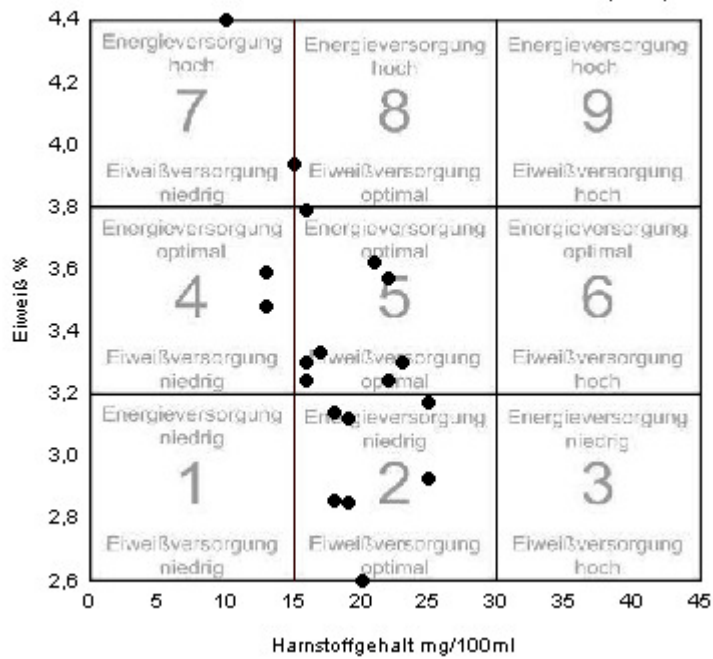
Bestandsveränderungen im Kontrollabschnitt

Kalbungen	geb.	G R	Verl.	Vater	Mutter
AT 999.670.616	24.07.08	W FL	Lei	RUM AT 999.783.345	STRAUSSA AT 999.327.845
AT 999.671.716	27.07.08	M FL	Lei	ILION DE 09 36284807	ZARA AT 999.258.809
AT 999.672.816	01.08.08	M FL	Lei	VANSTEIN DE 09 34586859	GABI AT 999.461.642
AT 999.673.916	10.08.08	M FL	Lei	MORIS DE 09 34225983	LOLITA AT 999.857.145



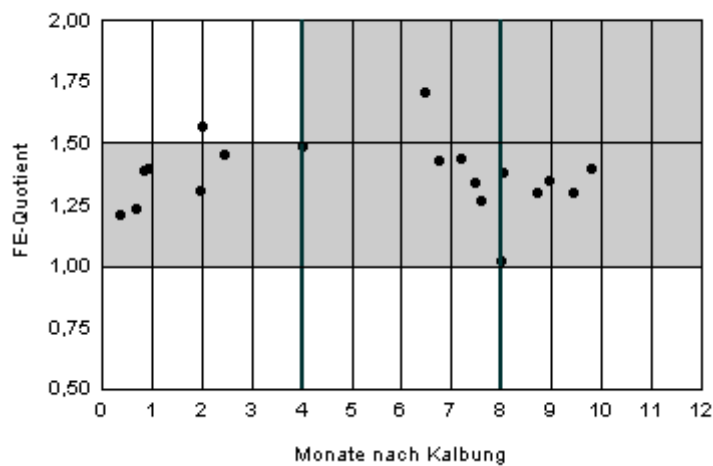
Klasse	Anz	%
über 800	1	5,3
400-800	1	5,3
200-400	2	10,5
100-200	5	26,3
bis 100	10	52,6

Stoffwechselkontrolle Harnstoff / Eiweiß (HKI)



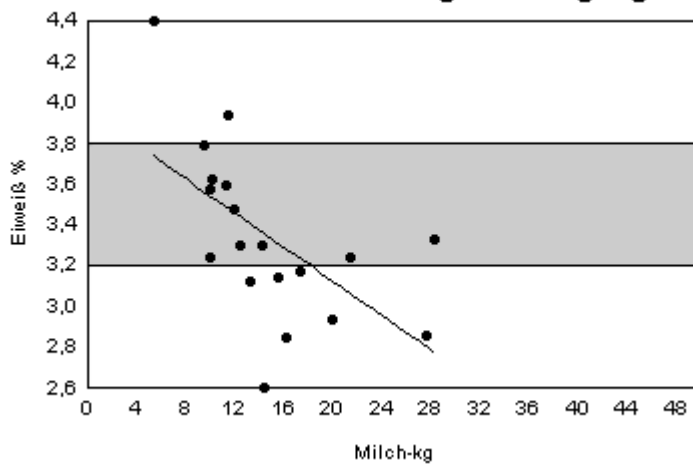
Klasse	Anz	%
9	0	0,0
8	1	5,3
7	1	5,3
6	0	0,0
5	8	42,1
4	2	10,5
3	0	0,0
2	7	36,8
1	0	0,0

Stoffwechselkontrolle FEQ



Klasse	Anz	%
Ketosegefahr	1	5,3
normal	18	94,7
Acidosegefahr	0	0,0

Stoffwechselkontrolle Energieversorgung



Klasse	Anz	%
Energieübersch. 2	10,5	
normal	10	52,6
Energiemangel	7	36,8



**Vulgoname
Testbauer Mann
Dorf 20
1234 Testort**

Landeskontrollverband Irgendwo
1234 Teststadt, Teststraße 6
office@lk-irgendwo.at, www.lkv.at
T: 01234/5678-901

LFBIS-Nr.: 1234567

Druckdatum: 03.09.2008

	Einheit	Anzahl	Betrieb aktuell	Betrieb Vorjahr	Bezirk	Land
Auswertezeitraum 01.10.2006 - 30.09.2007						
Allgemeine Daten letzter Jahresabschluss						
Bestand Milchkühe zum 30.09.2007	Anzahl		25	21	13	16
Anteil ganzjährig geprüfter Kühe	%		80,0	81,0	70,9	71,1
Anteil Kühe 1. Kalbung	%		20,0	19,1	27,4	28,3
Anteil Kühe mit mind. 5 Kalbungen	%		40,0	33,3	23,7	20,3
Ø Alter Kühe am 30.09.2007	Jahre		6,5	6,1	5,6	5,4
Ø Lebensleistung	kg		27.287	24.538	18.779	19.343
Ø Erstlingsleistung	kg		5.449	5.691	5.892	6.327
Milchleistung letzter Jahresabschluss						
Kuhzahl	Anzahl		23,2	20,0	12,8	15,6
Milchmenge	kg		7.255	6.876	6.513	7.048
Fett	%		3,89	3,78	4,15	4,18
Eiweiß	%		3,28	3,24	3,43	3,46
Fett- und Eiweißmenge	kg		520	483	493	538
Tierbestand						
Ø Kuhzahl	Anzahl		23,3	20,3	13,2	16,6
Ø Erstlingskuhzahl	Anzahl		4,2	4,0	3,5	4,8
Ø Kuhzahl weitere Laktationen	Anzahl		19,1	16,3	9,7	11,8
Ø Kalbinnenzahl > 12 Monate	Anzahl		18,2	15,0	9,0	9,8
Ø Jungrinderanzahl > 6 Monate	Anzahl		22,9	22,5	15,9	16,4
Ø Kälberzahl <= 6 Monate	Anzahl		11,2	8,4	6,1	6,2
FRUCHTBARKEIT-KÜHE						
Kalbungen						
Zwischenkalbezeit	Tage	18	363	365	388	395
Anteil Zwischenkalbezeit über 420 Tage	%	0	0,0	5,0	32,4	35,6
Serviceperiode	Tage	17	78	81	99	106
Besamungsindex	Bes/Tr.	21	1,5	1,5	1,4	1,5

	Einheit	Anzahl	Betrieb aktuell	Betrieb Vorjahr	Bezirk	Land
Besamungen (01.06.2006-31.05.2007)						
Anzahl Besamungen	Anzahl		46	34	19	26
Anzahl Erstbesamungen	Anzahl		25	22	12	15
Erstbesamungsindex	Anzahl	25	1,8	1,6	1,6	1,7
Anteil Nachbesamungen	%	21	45,7	35,3	36,4	42,0
Non-Return-Rate 90 Tage	%	11	44,0	63,6	66,5	61,5
Rastzeit	Tage	25	59	66	75	78
Anteil Rastzeit über 100 Tage	%	0	0,0	13,6	15,4	17,9
Erwartete Zwischenkalbezeit	Tage	14	395		397	409
Anteil Kühe mit Diagnose Fruchtbarkeit	%	11	47,1	0,0	5,1	7,1
Summe Diagnosen Fruchtbarkeit	Anzahl		15		3	4
<i>Stillbrunst, Azyklie</i>	Anzahl		9	0		
<i>Eierstockzysten</i>	Anzahl		3	0		
<i>Nachgeburtshaltung</i>	Anzahl		3	0		
FRUCHTBARKEIT-KALBINNEN						
Besamungen (01.06.2006-31.05.2007)						
Alter bei der Erstbesamung	Monate	11	24,0	25,1	22,0	20,7
Anzahl Besamungen	Anzahl		16	8	7	8
Anzahl Erstbesamungen	Anzahl		11	7	5	6
Erstbesamungsindex	Anzahl	11	1,5	1,1	1,4	1,5
Anteil Nachbesamungen	%	5	31,3	12,5	26,6	32,4
Non-Return-Rate 90 Tage	%	5	45,5	85,7	77,7	73,2
Anteil Kalbinnen mit Diagnose Fruchtbarkeit	%	1	5,5	0,0	1,4	1,3
Summe Diagnosen Fruchtbarkeit	Anzahl		1		2	2
<i>Stillbrunst, Azyklie</i>	Anzahl		1	0		
EUTERGESUNDHEIT						
Erstlingskühe						
Zellzahldurchschnitt	in 1000	32	454	67	110	119
Anzahl Zellzahl über 200.000	%	7	21,9	3,1	11,1	12,0
Anteil Kühe mit mind. 3 Überschreitungen	%	2	47,6	0,0	11,4	13,0
Anteil mit mind. 2 aufeinanderfolg. Überschr.	%	1	23,8	0,0	15,9	17,9
Anteil Kühe mit Diagnose Euter	%	1	23,8	0,0	3,4	6,3
Summe Diagnosen Euter	Anzahl		1	0	0	0
<i>0. - 100. Laktationstag</i>	Anzahl		1	0	0	0
<i>101. - 200. Laktationstag</i>	Anzahl		0	0	0	0
<i>> 200. Laktationstag</i>	Anzahl		0	0	0	0
<i>Trockenperiode</i>	Anzahl		0	0	0	0
<i>akute Euterentzündung</i>	Anzahl		1	0		
Kühe weitere Laktationen						
Zellzahldurchschnitt	in 1000	137	285	135	207	219
Anteil Zellzahl über 200.000	%	41	29,9	17,1	24,8	27,1

	Einheit	Anzahl	Betrieb aktuell	Betrieb Vorjahr	Bezirk	Land
Anteil Kühe mit mind. 3 Überschreitungen	%	6	31,3	18,4	32,7	35,9
Anteil mit mind. 2 aufeinanderfolg. Überschr.	%	8	41,8	18,4	39,2	42,2
Anteil Kühe mit Diagnose Euter	%	0	0,0	0,0	4,4	8,3
Summe Diagnosen Euter	Anzahl		0	0	1	1
STOFFWECHSEL						
Erstlingskühe						
Ø Fett-Eiweißquotient 1. - 100.Laktationstag	F/E	11	1,22	1,23	1,25	1,25
Anteil FEQ 1.-100. Tg über 1,50 oder unter 1,00	%	1	9,1	0,0	21,2	22,4
Ø Eiweißgehalt 1. - 100.Laktationstag	%	11	3,24	3,40	3,23	3,24
Anteil Eiweißgehalt 1.-100. Tg. kleiner 3,00	%	0	0,0	0,0	25,1	25,0
Ø Harnstoffgehalt 1. - 100. Laktationstag	mg/dl	9	16,4	25,1	20,0	21,9
Anteil Harnstoffgehalt 1. - 100. Tg. über 30,0	%	0	0,0	10,0	9,2	14,2
Anteil Harnstoffgehalt 1. - 100. Tg. unter 15,0	%	3	33,3	0,0	24,5	17,9
Anteil Kühe mit Diagnose Stoffwechsel	%	0	0,0	0,0	0,6	0,5
Summe Diagnosen Stoffwechsel	Anzahl				1	1
Kühe weitere Laktationen						
Ø Fett-Eiweißquotient 1. - 100.Laktationstag	F/E	44	1,25	1,21	1,23	1,26
Anteil FEQ 1.-100. Tg über 1,50 oder unter 1,00	%	14	31,8	20,5	28,1	28,5
Ø Eiweißgehalt 1. - 100.Laktationstag	%	44	3,14	3,11	3,26	3,26
Anteil Eiweißgehalt 1.-100. Tg. kleiner 3,00	%	11	25,0	31,8	24,6	24,1
Ø Harnstoffgehalt 1. - 100. Laktationstag	mg/dl	41	17,0	22,7	19,4	21,0
Anteil Harnstoffgehalt 1. - 100. Tg. über 30,0	%	0	0,0	15,9	9,5	12,9
Anteil Harnstoffgehalt 1. - 100. Tg. unter 15,0	%	13	31,7	11,4	29,2	22,9
Anteil Kühe mit Diagnose Stoffwechsel	%	0	0,0	0,0	1,4	1,9
Summe Diagnosen Stoffwechsel	Anzahl				1	2
KLAUEN UND GLIEDMASSEN						
Anteil Kühe mit Diagnose Klauen, Gliedm.	%	0	0,0	0,0	1,9	2,1
Summe Diagnosen Klauen und Gliedmaßen	Anzahl				3	2
KÄLBER BIS 6 MONATE						
Anzahl Geburten	Anzahl		22	24	14	17
Anzahl Kälber	Anzahl		26	26	15	18
Anteil Schwergeburten	%	1	4,6	4,2	4,4	4,2
Anteil Totgeburten, Verendungen	%	1	3,9	15,4	8,1	8,8
<i>bis 48 Stunden</i>	Anzahl		0	1	1	1
<i>nach 48 Stunden - 10 Tage</i>	Anzahl		0	1	0	0
<i>11 Tage - 6 Monate</i>	Anzahl		1	2	0	1
Anteil Kälber mit Diagnosen	%	0	0,0	0,0	1,7	6,0
Summe Diagnosen Kälber	Anzahl				2	2
JUNGRINDER ÄLTER 6 MONATE						
Anteil Jungrinder mit Diagnosen	%	2	8,8	0,0	1,3	2,2
Summe Diagnosen Jungrinder	Anzahl		2		2	2

	Einheit	Anzahl	Betrieb aktuell	Betrieb Vorjahr	Bezirk	Land
<i>Stillbrunst, Azyklie</i>	Anzahl		1	0		
<i>Euterödem</i>	Anzahl		1	0		
ABGANGSURSACHEN KÜHE						
Abgänge gesamt	%	1	4,3	19,7	29,6	30,7
<i>davon Betriebsauflösung</i>	%	0	0,0	0,0	0,0	0,0
<i>davon Hohes Alter</i>	%	0	0,0	25,0	21,1	14,4
<i>davon Geringe Leistung</i>	%	0	0,0	0,0	9,5	8,5
<i>davon Unfruchtbarkeit</i>	%	0	0,0	0,0	21,0	24,9
<i>davon Infektionskrankheiten</i>	%	0	0,0	0,0	0,7	1,0
<i>davon Stoffwechselkrankheiten</i>	%	0	0,0	0,0	0,9	2,6
<i>davon Euterkrankheiten</i>	%	0	0,0	0,0	12,2	12,4
<i>davon Schlechte Melkbarkeit</i>	%	0	0,0	0,0	1,3	1,1
<i>davon Klauen- und Gliedmaßenkrankheiten</i>	%	0	0,0	0,0	6,6	8,3
<i>davon Verkauf zur Zucht</i>	%	0	0,0	50,0	8,1	12,1
<i>davon Sonstige Gründe</i>	%	1	100,0	25,0	18,6	14,7

Diagnosen pro Tier der letzten 12 Monate

Kühe

Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Kalbung	Tg.	Diagnose
19	SELLA	AT 999.225.266	9	21.09.06	84	14.12.06 Eierstockzysten
21	GAMSA	AT 999.900.966	9	11.12.06	86	07.03.07 Stillbrunst, Azyklie
					58	07.02.07 Stillbrunst, Azyklie
25	BLOAMA	AT 999.918.866	8	30.04.07	123	31.08.07 Eierstockzysten
35	GABI	AT 999.461.642	6	22.08.07	1	23.08.07 Nachgeburtsverhaltung
			5	10.09.06	86	05.12.06 Fremdkörpererkrankung
37	ASMIN	AT 999.560.542	5	17.10.06	154	20.03.07 Eierstockzysten
					69	25.12.06 Stillbrunst, Azyklie
44	SARA	AT 999.465.145	4	04.11.06	2	06.11.06 Nachgeburtsverhaltung
46	GULDA	AT 999.473.145	3	27.01.07	66	03.04.07 Stillbrunst, Azyklie
47	BLONDI	AT 999.131.347	3	14.12.06	55	07.02.07 Stillbrunst, Azyklie
48	SUMSI	AT 999.136.847	3	13.03.07	66	18.05.07 Stillbrunst, Azyklie
			2	20.04.06	317	03.03.07 Nachgeburtsverhaltung
50	SCHOTZA	AT 999.743.247	2	13.12.06	86	09.03.07 Stillbrunst, Azyklie
					56	07.02.07 Stillbrunst, Azyklie
54	LISA	AT 999.444.972	1	06.12.06	50	25.01.07 Stillbrunst, Azyklie
					4	10.12.06 akute Euterentzündung

Zeitraum: 01.10.2006 - 30.09.2007

Kalbinnen und Stiere

Nr.	Name	Lebensnummer	G	geboren	Alter	Diagnose
54	LISA	AT 999.444.972	W	04.11.03	1127	05.12.06 Euterödem
61	LIANE	AT 999.144.472	W	21.10.04	910	19.04.07 Stillbrunst, Azyklie

Kälber (bis 6 Monate)

Nr.	Name	Lebensnummer	G	geboren	Alter	Diagnose
-----	------	--------------	---	---------	-------	----------

Keine Diagnosen bei Kälbern in den letzten 12 Monaten erfasst

Diagnoseübersicht Kontrolljahr

Anzahl Diagnosen	Okt-Dez	Jan-Mär	Apr-Jun	Jul-Sep	Betrieb Gesamt	Betrieb Vorjahr
Sonstige Erkrankungen	0	0	0	0	0	0
ohne Diagnose	0	0	0	0	0	0
Abmagerung, chronische Magersucht	0	0	0	0	0	0
verminderte Fresslust, Inappetenz	0	0	0	0	0	0
Fieber, fieberhafte Allgemeinerkrankung	0	0	0	0	0	0
spezifische Kälberkrankheiten	0	0	0	0	0	0
Nabelentzündung	0	0	0	0	0	0
Nabelbruch	0	0	0	0	0	0
Sehnenkontraktur	0	0	0	0	0	0
Missbildungen	0	0	0	0	0	0
Neugeborenenengelbsucht	0	0	0	0	0	0
Kälberdurchfall	0	0	0	0	0	0
andere Krankheiten des Kalbes	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen des Verdauungstraktes	1	0	0	0	1	0
Durchfall	0	0	0	0	0	0
Blähungen	0	0	0	0	0	0
Pansenübersäuerung, Acidose	0	0	0	0	0	0
Fremdkörpererkrankung	1	0	0	0	1	0
Labmagenverlagerung	0	0	0	0	0	0
Darmverschluss	0	0	0	0	0	0
andere Erkrankungen der Bauchhöhle	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der Maulhöhle	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der Speiseröhre	0	0	0	0	0	0
Stoffwechselkrankheiten	0	0	0	0	0	0
Milchfieber, Festliegen	0	0	0	0	0	0
Tetanie, Starrkrampf	0	0	0	0	0	0
Azetonämie, Ketose	0	0	0	0	0	0
andere Stoffwechselkrankheiten	0	0	0	0	0	0
Vergiftungen	0	0	0	0	0	0
Fruchtbarkeits- und Abkalbestörungen	3	8	3	2	16	0

Anzahl Diagnosen	Okt-Dez	Jan-Mär	Apr-Jun	Jul-Sep	Betrieb Gesamt	Betrieb Vorjahr
Gebärmutterentzündung	0	0	0	0	0	0
Stillbrunst, Azyklie	1	6	3	0	10	0
Eierstockzysten	1	1	0	1	3	0
Scheidenvorfall	0	0	0	0	0	0
Verwerfen und andere Fruchtbarkeitsstörungen	0	0	0	0	0	0
Schwergeburt	0	0	0	0	0	0
Geburtsverletzungen	0	0	0	0	0	0
Nachgeburtsverhaltung	1	1	0	1	3	0
Erkrankungen der Nachgeburtsphase	0	0	0	0	0	0
Eutererkrankungen	2	0	0	0	2	0
akute Euterentzündung	1	0	0	0	1	0
chronische Euterentzündung	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der Euter- und Zitzenhaut	0	0	0	0	0	0
Euterödem	1	0	0	0	1	0
Andere Eutererkrankungen	0	0	0	0	0	0
Vorbeugendes Trockenstellen	0	0	0	0	0	0
Klauen- und Gliedmaßenkrankungen	0	0	0	0	0	0
Zwischenklauengeschwür, Mortellaro	0	0	0	0	0	0
Klauengeschwür	0	0	0	0	0	0
Klauenrehe	0	0	0	0	0	0
Gliedmaßenverletzungen	0	0	0	0	0	0
Krankheiten von Muskeln und Sehnen	0	0	0	0	0	0
Lähmungen, spastische Parese	0	0	0	0	0	0
Gelenksschwellung	0	0	0	0	0	0
Festliegen infolge Erkrankung des Bewegungsapparates	0	0	0	0	0	0
Krankheiten des Schwanzes	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der Atemwege	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der oberen Luftwege	0	0	0	0	0	0
Lungenentzündung	0	0	0	0	0	0
andere Lungenerkrankungen	0	0	0	0	0	0
Herz-, Kreislauf- und Bluterkrankungen, Erkrankungen des Verdauungstraktes	0	0	0	0	0	0
Herzerkrankungen	0	0	0	0	0	0
Gesamtinfektion, Anämie	0	0	0	0	0	0
Piroplasmose und andere Parasitosen des Blutes	0	0	0	0	0	0
Leukose	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der Gefäße und der Milz	0	0	0	0	0	0
Nierenbeckenentzündung	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der Harnblase	0	0	0	0	0	0
ZNS-Erkrankungen, Hauterkrankungen, Infektionen	0	0	0	0	0	0
ZNS-Erkrankungen	0	0	0	0	0	0
Erkrankungen der Sinnesorgane	0	0	0	0	0	0

Anzahl Diagnosen	Okt-Dez	Jan-Mär	Apr-Jun	Jul-Sep	Betrieb Gesamt	Betrieb Vorjahr
Parasitosen und Infektionen der Haut	0	0	0	0	0	0
Erkrankung der Hörner	0	0	0	0	0	0
andere Hauterkrankungen	0	0	0	0	0	0
Allgemeininfektionen	0	0	0	0	0	0
GESAMTSUMME	6	8	3	2	19	0



Vulgoname
Testbauer Mann
Dorf 20
1234 Testort

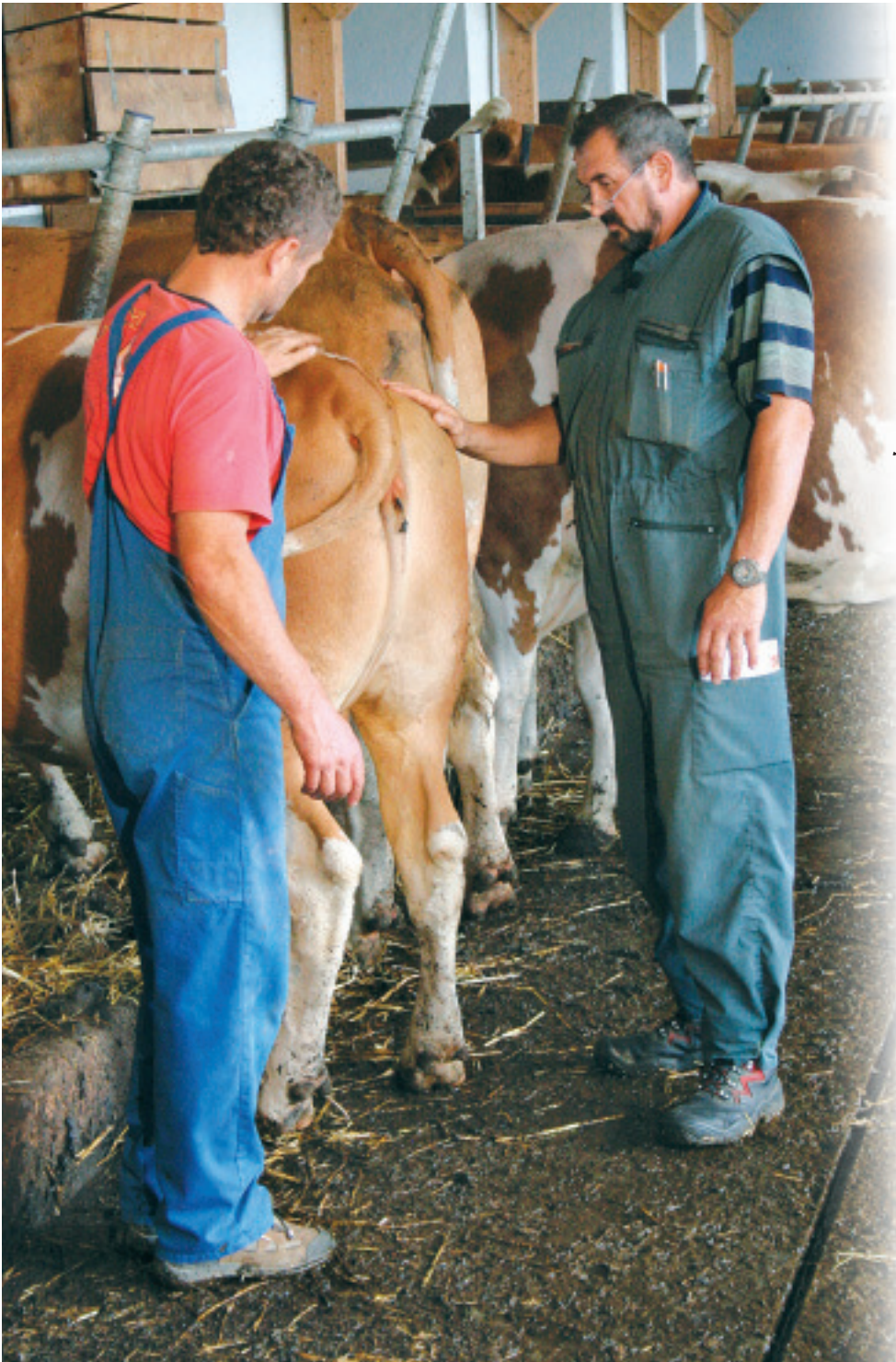
Landeskontrollverband irgendwo
 1234 Teststadt, Teststraße 6
 lkvv@lk-irgendwo.at, www.lkv.at
 T: 01234/5678-901

LFBIS-Nr.: **1234567**

Druckdatum: 15.09.2008

	Einheit	Anzahl	Betrieb aktuell	Betrieb Vorjahr	Bezirk	Land
Auswertezeitraum 02.09.2007 - 01.09.2008 im Vergleich zu Jahresbericht 2007						
Allgemein						
Kuhzahl	Anzahl			23,2	12,8	15,6
Milchmenge	kg			7.255	6.513	7.048
Fett	%			3,89	4,15	4,18
Eiweiß	%			3,28	3,43	3,46
Abgänge gesamt	%	4	16,1	4,3	29,6	30,7
Fruchtbarkeit						
Anzahl der Abkalbungen	Anzahl		18	22		
erwartete Zwischenkalbezeit	Tage	25	394		397	409
Erstbesamungsindex	Anzahl	33	2,0	1,7	1,5	1,7
Abgänge Unfruchtbarkeit	Anzahl		0	0		
Summe Diagnosen Fruchtbarkeit	Anzahl		14	16		
Eutergesundheit						
Zellzahldurchschnitt	in 1000	138	200	317	181	190
Anzahl Zellzahl über 200.000	Anzahl		29	48		
Anteil Zellzahl über 200.000	%	29	21,0	28,4	21,2	22,8
Abgänge Euterkrankheiten	Anzahl		0	0		
Summe Diagnosen Euter	Anzahl		5	1		
Stoffwechselbereich						
Ø Fett-Eiweißquotient 1. - 100.Laktationstag	F/E	52	1,22	1,24	1,24	1,26
Summe Diagnosen Stoffwechsel	Anzahl		0	0		
Klauen und Gliedmaßen						
Summe Diagnosen Klauen und Gliedmaßen	Anzahl		0	0		
Kälber bis 6 Monate						
Anzahl Totgeburten/Verendung	Anzahl		1	1		
Summe Diagnosen Durchfallerkrankung	Anzahl		0	0		

Moderne Werkzeuge für das Herdenmanagement



Durch die Ergebnisse der Milchleistungsprüfung, dem Gesundheitsmonitoring und dem Tiergesundheitsdienst erkennt der Landwirt Herdenproblem früher und kann in Zusammenarbeit mit dem Hoftierarzt leichter darauf reagieren. Mit Zustimmung des Landwirts erhalten beide umgehend Rückmeldungen über den Erfolg.

Über den Nutzen der neuen Werkzeuge für Herdenmanagement und Bestandesbetreuung lesen Sie in dieser Sonderbeilage.

*Der Jahresbericht Tiergesundheit und der LKV-Tagesbericht mit Gesundheitsmonitoring wurden ausgearbeitet von:
Franz-Josef Auer (LKV Tirol), Dr. Christa Egger-Danner (ZuchtData), Dr. Birgit Fürst-Waltl (Boku), Andreas Gimpl (LKV Salzburg),
Mag. Berthold Grassauer (praktischer Tierarzt), Mag. Roman Janacek (TGD), Johann Kraus (LKV OÖ), Hannes Lang (LKV Burgenland),
Ing. Martin Mayerhofer (ZuchtData), Ing. Hubert Moosbrugger (LKV Vorarlberg), Dr. Walter Obritzhauser (ÖTK, praktischer Tierarzt), Franz Reith (LKV Steiermark),
DI Franz Tiefenthaller (LK OÖ), Obmann Anton Wagner (ZAR, praktischer Landwirt), Emmerich Weiss (LKV NÖ), Prof. Dr. Petra Winter (VUIW),
DI Michael Wöckinger (AK Milchproduktion), DI Karl Wurm (LK Stmk), Ing. Roland Vallant (LKV Kärnten), DI Karl Zottl (LKV NÖ)*

Gesundheitsmonitoring in der Praxis: Was sagen die Praktiker?

Von Sebastian SEMLITSCH, Graz



Tierarzt Dr. Gerolf Giselbrecht und Franz Hornbacher (vl) arbeiten mit den modernen Werkzeugen des Herdenmanagements und steigern dadurch die Gesundheit der Kühe.

Wie kommen die Berichte des Gesundheitsmonitorings in der Praxis an, und wie setzen Praktiker die modernen Werkzeuge des Herdenmanagements ein? Der folgende Beitrag geht diesen Fragen am Milchviehbetrieb von Familie Hornbacher nach und gibt Tipps, wie Sie die Berichte bestmöglich nutzen.

Franz Hornbacher, Milchbauer in Lassing im Ennstal und Tierarzt Dr. Gerolf Giselbrecht arbeiten schon seit mehreren Jahren zusammen. Seit Beginn ihrer Zusammenarbeit beziehen die beiden die Ergebnisse der LKV-Kontrollberichte in die tägliche Arbeit mit ein. Mit dem Jahresbericht Tiergesundheit stehen ihnen neue und aufschlussreichere Kennzahlen und Daten über die Leistung und Gesundheit der Tiere zur Verfügung.

Stärken finden

Mit diesen Informationen versehen, besprechen sie im Stall das aktuelle Her-

den-geschehen und die sich daraus ergebenden Maßnahmen. „Anhand des Jahresberichtes Tiergesundheit können wir einerseits die Stärken des Betriebes finden, andererseits noch weitere Verbesserungspotenziale aufdecken“, erklärt Dr. Gerolf Giselbrecht. „Wie aus den allgemeinen Daten ersichtlich, ist die Leistung der Herde im Vergleich mit dem durchschnittlichen Betrieb der Steiermark sehr hoch“, beschreibt der Tierarzt eine der wesentlichen Stärken des Betriebes. Franz Hornbacher ergänzt: „Insbesondere seit der Teilnahme am Arbeitskreis Milchproduktion konnten wir die Milchleistung und damit die Wirtschaftlichkeit erhöhen. Derzeit erreichen unsere 23 Fleckviehkühe eine Milchmenge von 9.233 kg sowie eine Fett- und Eiweißmenge von 711 kg, wodurch wir je Kuh einen Deckungsbeitrag in Höhe von 2.500 Euro erzielen.“

Fruchtbarkeitsleistungen

Nach den allgemeinen Daten ist im Jahresbericht die Fruchtbarkeit der Kühe angeführt. Gerolf Giselbrecht beschreibt die betriebliche Fruchtbarkeitssituation: „Aktuell weist keine Kuh eine Zwischenkalbezeit über 420 Tage auf, und die Zwischenkalbezeit liegt mit 360



Die im letzten Jahr errichteten Außenliegeboxen garantieren einen hohen Kuhkomfort. Die Investitionskosten für die neun Liegeplätze betragen rund 5.000 Euro exkl. Eigenleistung an Arbeit und Holz.

Tagen weit unter dem Landesschnitt von 395 Tagen. Den Anteil an Kühen mit einer ZKZ über 420 Tage zeigt uns, ob wir es mit einem Bestandesproblem oder mit einzelnen Problemtieren zu tun haben.

Aktueller als die Zwischenkalbezeit ist jedoch die erwartete Zwischenkalbezeit. Diese wird von der letzten Besamung ausgehend mit einer durchschnittlichen Trächtigkeitsdauer berechnet, ist aber immer höher als die dann tatsächliche Zwischenkalbezeit, weil inzwischen Kühe wegen Unfruchtbarkeit abgehen. Am Betrieb Hornbacher ist die erwartete Zwischenkalbezeit mit 407 Tagen eindeutig zu hoch. Ein Blick in den Tagesbericht zeigt folgendes Bild der

Der Gesundheitsmonitoring-Betrieb

Monika und Franz Hornbacher
Unterberg 1, 8903 Lassing

Viehbestand
24 Fleckvieh-Kühe
46 weibliche Kälber und Kalbinnen

Betriebsgröße
Grünland 32,5 ha
Wald 20 ha

Kontingent
Aktuelle Milchquote 195.000 kg

Einzeltiere: Eine Kuh hat verworfen, zwei weitere Kühe sind als Problemkühe mit zu langer Serviceperiode einzustufen. Franz Hornbacher meint dazu: „Entscheidend ist, wie schnell ich in das Fruchtbarkeitsgeschehen einsteige. Die ersten 30 Tage sind dabei die wichtigsten, in denen wir die Kühe untersuchen und gegebenenfalls sofort behandeln. Als Ursache für die aktuell schlechte Fruchtbarkeit vermute ich eine Mykotoxin-belastete Corn-Cobb-Silage, die im Frühjahr verfüttert worden ist.“

Sind alle Kälber da?

Der Anteil der Kühe mit Fruchtbarkeitsdiagnosen und die Summe der Diagnosen zeigen schließlich, welche Maßnahmen notwendig waren, um zu diesen Fruchtbarkeitsleistungen zu kommen. Außerdem ist ersichtlich, wie intensiv sich Bauer und Tierarzt mit der Fruchtbarkeit beschäftigt haben. In diesem Zusammenhang gibt eine einfache Rechnung Auskunft über entgangene Erlöse und sollte gegen die Kosten eventueller Sterilitätsbehandlungen aufgerechnet werden: Zwischenkalbezeit (ZKZ) abzüglich 365 (jedes Jahr ein Kalb) multipliziert mit der Anzahl der Tiere und dividiert durch 285 (Tragzeit) ergibt die Anzahl jener Kälber, die nicht geboren wurden. Für den Betrieb Hornbacher ergeben sich so gegenüber dem Landesdurchschnitt etwa 3 zusätzliche Kälber: $[(395 - 360) \times 24] : 285 = 3$.

Achten Sie auf den Bezugszeitraum der Besamungsauswertungen: Dieser umfasst durch die Verzögerung bei der Belegungsmeldung in den Rinderdatenverbund nicht das Prüfjahr, sondern bezieht sich auf den Zeitraum 1. Juni des Vorjahres bis zum 31. Mai des laufenden Jahres.

Eutergesundheit überprüfen

Im Jahresbericht ist unter dem Abschnitt Eutergesundheit der aktuelle Eutergesundheitsstatus der Herde zu finden. „Darin ist ersichtlich, wo der Betrieb derzeit steht. Zum Beispiel erreichen die Kühe am Betrieb Hornbacher im Durchschnitt aller Milchleistungskontrollen eine Zellzahl von 249.000. Auch wenn diese Zahl nur geringfügig über dem Landesschnitt liegt, ist sie absolut zu hoch und es müssen Maßnahmen eingeleitet werden. Will man wissen, welche Kühe besonders hohe Zellzahlen aufweisen, ist wieder ein Blick in den Tagesbericht erforderlich“, erklärt Tierarzt Gerolf Giselbrecht.

Im Rahmen des TGD ist es möglich, dass Experten der Veterinärmedizinischen Universität Wien Betriebe mit Eu-

tergesundheitsproblemen besuchen und Sanierungsmaßnahmen empfehlen. Dabei trägt der TGD die Kosten.

Stoffwechsel stabilisieren

„Für eine hohe Fruchtbarkeit ist vor allem in den ersten 100 Tagen ein stabiler Stoffwechsel notwendig. Einzelne Kühe, besonders Erstlingskühe, bauen vermehrt Körperfett ab und weisen so einen Fett-Eiweiß-Quotienten über 1,5 aus. Insgesamt ist die Leistungsentwicklung der Kühe gut und stabil“, beschreibt der Landwirt die Stoffwechselsituation der Herde und fügt hinzu: „Diese Leistung gibt es nicht zum Nulltarif.“ Folgende Werte sollten Sie im Auge behalten: Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ), Harnstoffgehalt, Milchinhaltstoffe und Milchmenge.

Fett-Eiweiß-Quotient

Bei einem FEQ unter 1 besteht Azidosegefahr. Die Fütteration ist strukturarm und kraftfutterreich. Daraus resultieren häufig nach außen hin nicht sichtbare, so genannte subklinische Krankheitsverläufe. Die chronische Pansenübersäuerung, zB als Folge eines zu hohen Kraftfutteranteils in der Ration, ist in vielen Betrieben ein Problem. Ein FEQ größer als 1,5 bedeutet Ketosegefahr. Die Kühe leiden unter einem Energiemangel und bauen deshalb Körperfett ab. Weitere Hinweise sind ein hoher Fettgehalt der Milch am Beginn der Laktation sowie niedrige Eiweißgehalte. Sehr aussagekräftig in Bezug auf die Stoffwechselsituation ist der Anteil der Probemelkergebnisse von Kühen mit zu hohem oder niedrigem FEQ in den ersten 100 Tagen nach der Abkalbung.

Harnstoff- und Eiweißgehalt

Der Harnstoffgehalt und der Eiweißgehalt der Milch sind gemeinsam zu beurteilen. Der Eiweißgehalt gibt in erster Linie Auskunft über die Energieversorgung. Der Harnstoffgehalt der Milch ist ein Parameter für die Eiweißversorgung der Herde. Eiweißgehalte zwischen 3,20 und 3,80 % bei einem Harnstoffgehalt zwischen 15 und 30 mg/dl sind das Ergebnis einer ausgeglichenen Fütterung. Bei zu hohen Harnstoffgehalten über 30 mg/dl liegt eine Eiweißübersorgung vor, die mit einer starken Leberbelastung einhergeht und

sich unter anderem negativ auf die Klauengesundheit auswirkt. Wenn die Harnstoffgehalte unter 15 mg/dl absinken, weist dies auf eine Eiweißunterversorgung hin.

Das bringt der Jahresbericht Tiergesundheit

Sobald erste Erfahrungen mit dem neuen Jahresbericht Tiergesundheit vorliegen, werden die aussagekräftigsten Kennzahlen für einen raschen Überblick in einem Kurzbericht zusammengefasst. In weiterer Folge sollen die Landwirte Detailinformationen über das Internetportal „Mein Betrieb im RDV“ abrufen können. Zusätzlich ist es das Ziel, dass für die TGD-Betriebe, die am Gesundheitsmonitoring teilnehmen, die relevanten Informationen in die vorgeschriebene jährliche Betriebserhebung einfließen. Damit werden Doppelgleisigkeiten vermieden und der



Die Herde am Betrieb Hornbacher ist stoffwechselstabil. Kennzahlen, wie zB der Fett-Eiweiß-Quotient oder der Harnstoffgehalt, zeigen die Ausgeglichenheit der Ration an.

Nutzen der Werkzeuge Milchleistungskontrolle, Gesundheitsmonitoring und Tiergesundheitsdienst erhöht. Derzeit sind bereits genügend Diagnosedaten aus dem Projekt vorhanden, so dass mit Beginn 2008 an der Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale gearbeitet werden kann. Franz Hornbacher möchte die Daten aus dem Gesundheitsmonitoring nicht mehr missen: „Ich bin mir sicher, dass die modernen Werkzeuge des Herdenmanagements – also LKV, TGD und Gesundheitsmonitoring – jedem Landwirt dabei helfen, die Gesundheit und somit die Leistung der Tiere zu erhöhen. ■“

Alle Betriebe, die am Projekt Gesundheitsmonitoring teilnehmen, erhalten mit dem neuen Jahresbericht Tiergesundheit eine detaillierte Übersicht über Leistung und Tiergesundheit. Dieser Beitrag fasst die wesentlichen Aussagen des Berichtes zusammen und hilft bei der Interpretation der Kennzahlen.



Neuer Jahresbericht Tiergesundheit

Von Mag. Berthold GRASSAUER, Ranten und Dr. Christa EGGGER-DANNER, ZuchtData

Die Daten für den Bericht stammen aus der Leistungsprüfung der Landeskontrollverbände und dem Projekt Gesundheitsmonitoring Rind. Den Jahresbericht Tiergesundheit bekommt jeder LKV-Betrieb, der am Projekt Gesundheitsmonitoring Rind mitmacht. Tierärzte und Berater können den Jahresbericht ebenfalls erhalten, wenn der Landwirt der Datenweitergabe zustimmt. Horizontale und vertikale Vergleiche des einzelnen Betriebes mit den ebenfalls am Projekt Gesundheitsmonitoring teilnehmenden Betrieben helfen, den eigenen derzeitigen Stand besser zu beurteilen.

Detaillierte Infos

Erstlingskühe und Kühe in weiteren Laktationen werden getrennt ausgewertet, was besonders für die Abschnitte Eutergesundheit und Stoffwechsel bedeutsam ist: Gesunde Erstlingskühe sind die Basis für den zukünftigen Erfolg. Im Abschnitt Fruchtbarkeit erhält der Betriebsleiter und Berater alle relevanten Informationen, die Aussagen über die Kalbinnenaufzucht und das Fruchtbarkeitsmanagement von Kalbinnen und Kühen zulassen. Am Ende des Jahresberichtes finden sich alle im Kontrolljahr erfolgten tierärztlichen Diagnosen der einzelnen Tiere. Problemtiere können so rasch identifiziert werden.

Aus der Diagnosenübersicht ist mit einem Blick erkennbar, in welchen Bereichen, wie zB Fruchtbarkeit, Euterge-

sundheit, etc., Nachholbedarf besteht und wo der Betrieb bereits Verbesserungsmaßnahmen eingeleitet hat um die Probleme in den Griff zu bekommen.

Gemeinsam mit Tierarzt

Der Jahresbericht ist sehr umfangreich, weshalb sich die Benutzer mit einer Fülle von Daten konfrontiert sehen. Der interessierte Landwirt sollte die einzelnen Kontrollbereiche nicht in einem Zug, sondern einzeln abarbeiten. Die Mitarbeiter der LKVs und die Tierärzte sind auf Anfrage bei der Interpretation behilflich. Gemeinsam mit dem Tierarzt und Berater lässt sich ein möglichst großer Nutzen von diesem modernen Werkzeug für das Herdenmanagement verwirklichen.

In den allgemeinen Daten sind erstens jene vom letzten Jahresabschluss angeführt, die vom 1. Oktober des Vorjahres bis zum 30. September des laufenden Jahres reichen. Diese sind aus den bisherigen Jahresberichten bekannt. Es sind die klassischen Zahlen des Jahresabschlusses: Angaben zum Kuhbe-

stand, Lebens- und Erstlingsleistung, Milchmenge, Fett- und Eiweißgehalt.

Neu dabei ist der durchschnittliche Tierbestand, bezogen auf die Anwesenheitsdauer am Betrieb. Jener wird folgendermaßen berechnet: Zwei Kühe, die jeweils ein halbes Jahr am Betrieb waren, ergeben hier eine Kuh.

Fruchtbarkeitsgeschehen

Unter dem Kapitel Fruchtbarkeit finden sich alle Parameter zum Thema. Die Rastzeit beschreibt den Intervall von der Abkalbung bis zur ersten Besamung. Die Fähigkeit dann tatsächlich tragend zu werden, wird durch die Serviceperiode, d.h. die Zeit von der Abkalbung bis zur letzten Besamung, durch die Non-Return-Rate und den Besamungsindex ausgedrückt. Beim Besamungsindex werden nur jene Tiere berücksichtigt, die eine folgende Abkalbung aufweisen. In diesem Zusammenhang ist ein Blick auf den Abschnitt Abgangsursachen sinnvoll. Beim Erstbesamungsindex sind auch Tiere einbezogen, bei der es zu keiner weiteren Abkalbung gekommen ist. Daher beschreibt diese Kennzahl bei kleineren Betrieben die tatsächliche Fruchtbarkeitssituation besser.

Die Zwischenkalbezeit umfasst den gesamten reproduktionsbiologischen Zeitraum und bestimmt in starkem Ausmaß die Wirtschaftlichkeit eines Betriebes.

Landwirt-TIPP

Eine detailliertere Beschreibung der Kennzahlen und weitere Informationen zum Gesundheitsmonitoring können Sie im Internet unter www.zar.at finden.

Eutergesundheitsstatus

Die Eutergesundheit kann so wie die Fruchtbarkeit unmittelbare Auswirkungen auf die Produktivität der Milchviehhaltung und Zellzahlüberschreitungen und somit Milchgeldeinbußen zur Folge haben. Die Kennzahlen für die Eutergesundheit bieten einen Überblick über den Eutergesundheitsstatus, der gesondert nach Erstlingskühen und Kühen in weiteren Laktationen aufgelistet wird.

Der Zellzahldurchschnitt und die Anzahl Zellzahl über 200.000 beziehen sich jeweils auf alle Probemelkungen. Ein Beispielsbetrieb mit 10 Kühen und je 9 Probemelkungen hat in Summe 90 Probemelkungen. Die Kennzahlen Anteil Kühe mit mindestens zwei aufeinanderfolgenden Überschreitungen und der Anteil Kühe mit mindestens

drei Überschreitungen weisen auf Kühe mit chronischen Euterproblemen hin. Der Anteil der Kühe mit Euterdiagnosen und der Zeitpunkt im Verlauf der Laktation, zu dem Euterprobleme auftreten, sind entscheidend bei der Beurteilung der Eutergesundheit. Die Zellzahl-Kennzahlen ergeben gemeinsam mit den Diagnosen ein relativ gutes Bild, wie der Landwirt auf allfällige Probleme in der Eutergesundheit reagiert.

Fütterung optimieren

Fruchtbarkeit und Eutergesundheit hängen eng mit der Stoffwechselsituation zusammen. Die Stoffwechsel-Kennzahlen geben einen Überblick über die Befindlichkeit einer Kuh. Mit Hilfe dieser Daten kann der Landwirt Fütte-

rungsmanagement und Rationsgestaltung einschätzen und bei Bedarf auch anpassen. In diesem Abschnitt sind Erstlingskühe und Kühe ab der 2. Laktation ebenfalls getrennt.

Stoffwechselprobleme äußern sich besonders im ersten Laktationsdrittel, also bis zum 100. Laktationstag. Dieser Zeitraum wird daher mit den einzelnen Kennzahlen besonders beleuchtet. Anschließend wird der Anteil jener Kühe angegeben, die nach Stoffwechseldiagnosen behandelt wurden sowie die Anzahl der Diagnosen in diesem Bereich.

Kälberaufzucht im Visier

In der Kälberaufzucht legt der Milchviehbetrieb den Grundstein für die zukünftige Herde. Fehler, die in dieser Zeit gemacht werden, wirken sich noch Jahre später aus. Die Daten über Kalbeverlauf, Totgeburten und Verendungen bis zum 6. Lebensmonat und die entsprechenden tierärztlichen Diagnosen lassen Rückschlüsse auf das Kälbermanagement am Betrieb zu.

Abgangsursachen genau angeben

Von entscheidender Bedeutung für das Betriebsmanagement ist der Anteil von Tieren, die jährlich vom Betrieb abgehen sowie der Abgangsgrund. Dementsprechend fallen Remontierungskosten an, um die Bestandesgröße zu erhalten. Wenn eine eigene Kalbin nachgestellt wird, so ist der sonst zu erzielende Verkaufserlös in Rechnung zu stellen.

Die Datenerhebung für diesen Bereich geht wie folgt vor sich: Die vom Landwirt angegebenen Abgangsursachen werden vom Kontrollassistenten erfasst. Je korrekter diese Angaben sind, umso wertvoller die späteren Informationen.

Sämtliche Erstdiagnosen pro Tier der letzten 12 Monate finden sich am Ende des Jahresberichtes. Die Reihung erfolgt nach den Tieren. So können Problemtiere rasch identifiziert werden. Die Diagnosenübersicht gibt Aufschluss über Problembereiche im Bestand.

Anregungen erwünscht

Für die Weiterentwicklung des Jahresberichtes Tiergesundheits sind Anregungen aus der Praxis wichtig. Landwirte leiten ihre Rückmeldungen bitte an ihren Landeskontrollverband, Tierärzte an die jeweilige Landesstelle der Tierärztekammer weiter.

	Einheit	Anzahl*	Betrieb aktuell	Betrieb Vorjahr	Bezirk	Land
Fruchtbarkeit-Kalbinnen						
Besamungen (01.06.2006–31.05.2007)						
Alter bei der Erstbesamung	Monate	17	19,0	17,9	22,6	20,7
Anzahl Besamungen	Anzahl		26	14	8	8
Anzahl Erstbesamungen	Anzahl		17	11	5	6
Erstbesamungsindex	Anzahl	17	1,5	1,4	1,5	1,5
Anteil Nachbesamungen	%	9	34,6	21,4	33,6	32,3
Non-Return-Rate 90 Tage	%	7	41,2	90,9	72,2	73,4
Anteil Kalbinnen m. Diagnose Fruchtbarkeit	%	2	8,7	0,0		

Eutergesundheit						
Erstlingskühe						
Zellzahldurchschnitt	in 1000	64	267	276	127	119
Anzahl Zellzahl über 200.000	%	11	17,2	22,2	13,2	12,0
Anteil Kühe mit mind. 3 Überschreitungen	%	3	45,4	44,0	14,3	12,9
Anteil mit mind. 2 aufeinanderfolg. Überschr.	%	3	45,4	66,0	19,5	17,9
Anteil Kühe mit Diagnose Euter	%	3	45,4	0,0		

Stoffwechsel: Kühe weitere Laktationen						
Ø Fett-Eiweißquotient 1.–100. Laktationstag	F/E	30	1,22	1,24	1,28	1,26
Anteil FEQ 1.–100. Tg. über 1,50 od. unter 1,0	%	10	33,3	18,6	30,8	28,5
Ø Eiweißgehalt 1.–100. Laktationstag	%	30	3,18	3,23	3,17	3,26
Anteil Eiweißgehalt 1.–100. Tg. kleiner 3,00	%	10	33,3	34,9	33,7	24,1
Ø Harnstoffgehalt 1.–100. Laktationstag	mg/dl	30	22,9	27,4	20,0	21,0

Abgangsursachen Kühe						
Abgänge gesamt	%	7	30,8	35,7	28,4	30,3
davon Betriebsauflösung	%	0	0,0	0,0	0,0	0,0
davon Hohes Alter	%	2	28,6	14,3	16,4	14,5
davon Geringe Leistung	%	0	0,0	0,0	6,1	8,5
davon Unfruchtbarkeit	%	0	0,0	14,3	25,7	24,9
davon Infektionskrankheiten	%	0	0,0	0,0	1,0	1,0
davon Stoffwechselkrankheiten	%	0	0,0	0,0	2,0	2,6
davon Euterkrankheiten	%	2	28,6	0,0	11,7	12,4

* Beobachtungen, die in die Berechnung der jeweiligen Kennzahl eingehen.

Ausgehend von den bisherigen Berichten der Milchleistungsprüfung und des Gesundheitsmonitorings wurde ein neuer Tagesbericht erstellt, der die Stärken beider Berichte wiedergibt und zahlreiche Anregungen aus der landwirtschaftlichen und tierärztlichen Praxis berücksichtigt. Jeder LKV-Betrieb, der am Gesundheitsmonitoring teilnimmt, erhält damit eine rasche und umfassende Übersicht zur aktuellen Situation in der Herde.

Informationen gezielt auswählen

Durch die Aufnahme neuer Hinweise, Listen, Auswertungen und Grafiken wurde er um rund ein Drittel umfangreicher als der bisherige Bericht. Ein Betrieb mit 20 Kühen wird so zukünftig anstatt 4 bis 5 Seiten etwa 6 Seiten erhalten. Durch den doppelseitigen Druck werden sich bei der Postzusendung dennoch nur 3 Blätter im Kuvert finden.

Der Bericht gliedert sich in 9 Abschnitte, die im Folgenden vorgestellt werden. Eine wesentliche Neuerung zum bisherigen Tagesbericht stellt jedoch die grundsätzliche Möglichkeit dar, dass jeder einzelne Abschnitt den Wünschen des Bauern folgend ausgeblendet werden kann. So ist es möglich, genau jene Information zu erhalten, die für die tägliche Arbeit wichtig ist, während andere Übersichten über Internet oder längerfristige Auswertungen zur Verfügung stehen.

Harnstoffklasse extra ausgewiesen

Das Kernstück des Berichtes stellt das „Ergebnis der Probemelkung“ dar, enthält es doch die Milchleistung und



Milchleistungsprüfung: Neuer Tagesbericht mit Gesundheitsmonitoring

Von DI Karl ZOTTL, LKV NÖ

Der neu gestaltete Tagesbericht mit Gesundheitsmonitoring wird ab 1. Jänner 2008 den bisherigen Tagesbericht und den Gesundheitsbericht ersetzen.

Über die Vorteile des neuen Berichtes lesen Sie hier im Überblick.

zur aktuellen Melkung (Mkg) mehr als 20 % ausmachen, wird darauf durch ein „!“ aufmerksam gemacht.

Ergänzend zu den bewährten Hinweisen bei Eiweiß, Zellzahl und Harnstoffgehalt wird neu in der Spalte „KI“ die Harnstoffklasse gemäß dem Neun Felder-Diagramm auf der letzten Seite des Berichtes angegeben. Das Feld „5“ steht für eine ausgeglichene Versorgung

sen wird. Das ermöglicht einen Vergleich auch während des Jahres.

Tiergesundheit im Überblick

Der Abschnitt „Wichtige Hinweise zum Herdenmanagement“ stammt aus dem Gesundheitsbericht und soll gesondert auf bestimmte Umstände und Tiere hinweisen, die aus Sicht des Herdenmanagements Aufmerksamkeit brauchen. Da sich der Betrachtungszeitraum nicht nur auf die aktuelle Leistungsprüfung, sondern auf drei Monate erstreckt, ist er extra angegeben.

Eine ausgezeichnete Eutergesundheit und niedrige Zellzahlen sind für eine wirtschaftliche Milchproduktion besonders wichtig. Um sich im Herdenmanagement einen raschen Überblick über den Erfolg von Behandlungen verschaffen zu können, finden sich im Abschnitt „Eutergesundheit“ jene Kühe, die entweder die Zellzahlgrenze von 200.000 bei einer der letzten drei Kontrollen überschritten haben oder eine diagnostizierte Eutererkrankung im Zeitraum aufweisen. Ob eine diagnostizierte Eutererkrankung vorliegt, ist am Hinweis „D“ ersichtlich.

Die Auswertung der Milchleistungs-

des Tieres, die Bedeutung der anderen Felder ist direkt aus dem Diagramm ersichtlich.

In der Summenzeile am Schluss der Einzelergebnisse stehen die Abweichung zum

vorherigen Ergebnis und darunter das aktuelle Ergebnis nach den gehaltenen Rassen.

Neu ist, dass auch der gleitende Stalldurchschnitt rassenspezifisch ausgewie-

Ergebnis der Probemelkung											
Nr. Name	Lebensnummer	L.	Tg.	v_Mkg	M-kg	Fett %	Eiw. %	Zellz.	FEQ	Harn.	KI
TANNE	AT 999.118.846	11	177	23,2 !	12,0	4,68	4,02+	205 !	1,16	24	8
GRAZIA	AT 999.561.611	8	20	T	22,0	3,79	3,11-	8.240 !	1,22	11-	1
LORE	AT 999.920.434	6	18	26,0	24,0	3,06	3,55	38	0,86-	24	5
DESY	AT 999.894.142	6	190	28,8 !	14,8	5,10	3,24	400 !	1,57+	25	5

Eutergesundheit						
Kühe mit Zellzahl über 200.000 oder mit Euterdiagnosen						
Nr. Name	Lebensnummer	L.	Tg.	17.10.07 Zellzahl	04.09.07 Zellzahl	25.07.07 Zellzahl
GLASI	AT 999.123.107	8	20	8.240 (D)	T	341
GUGGI	AT 999.316.447	3	184	4.409	19	668

die Milchinhaltstoffe für jede einzelne Kuh. Hier finden sich schon zwei Neuerungen. In der Spalte v_Mkg ist die Milchmenge der vorherigen Probemelkung angegeben. Sollte die Differenz

prüfungsergebnisse wurde um eine Auflistung der neumelkenden Kühe und der altmelkenden Kühe ergänzt, soweit diese beim Fett-Eiweiß-Quotienten oder beim Milcheiweißgehalt auffällig sind. Der auslösende Parameter ist in der Liste fett angedruckt und sticht so sofort ins Auge. Zudem wird auf das Vorhandensein von stoffwechselrelevanten Diagnosen (D) im Zeitabschnitt hingewiesen.

Die gesonderte Auflistung jener Kühe mit erhöhtem Leistungsabfall unter „Weitere Informationen“ soll bei der raschen Identifikation von Problemen im Stall helfen und zur Vorbeuge beitragen. Die Ursachen für den Leistungsabfall können sehr vielfältig sein, wobei die Leistungsprüfung nur darauf hinweisen kann, dass hier eine höhere Aufmerksamkeit vonnöten ist.

Für die Teilnehmer am

viceperiode mangels einer eindeutigen Information über die Trächtigkeit als Zeitraum zwischen der Abkalbung und der aktuellsten Belegung angegeben.

Hinter dem Belegdatum steht in der Klammer die Anzahl der bereits erfolgten Belegungen. Etwaige Diagnosen aus dem Fruchtbarkeitsbereich werden wie-

der mit dem bereits bekannten (D) angezeigt.

Das Sollkalbedatum wird nach den durchschnittlichen Trächtigkeitstagen im Rinderdatenverbund berechnet und als Hinweis zum Trockenstellen fett angedruckt.

Bei den Leistungsangaben finden Sie zusätzlich zu den bisherigen Informationen auch das Ergebnis der Melkbarkeitsprüfung, sofern sie in dieser Laktation durchgeführt wurde.

In der Tabelle „Bestandsveränderungen im Kontrollabschnitt“ ist die Angabe der erfassten Abgangsursache neu.

Grafiken unterstützen Fütterungskontrolle

Die bekannten und bewährten Grafiken zum Harnstoff- und Eiweiß-Gehalt (9 Felder-Diagramm) und zum Eiweißgehalt nach Milchmenge wurden um den Zellzahlverlauf und den Fett-Eiweiß-

Quotienten im Verlauf der Laktation ergänzt.

Die Grafiken bilden die Fütterungssituation und Rationsgestaltung ab. Das aktuelle Ergebnis wird nun zusätzlich auch tabellarisch abgebildet. ■

Fütterung und Stoffwechsel							
Frischlaktierende Kühe (bis 100. Melktag) mit Eiweißgehalt < = 3 und/oder FEQ < 1,0 od. > 1,5							
Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	Eiw. %	FEQ	04.09.07 Eiw. % FEQ
GLASI	AT 999.123.107	1	50	3,24	1,58		3,37 1,15
LIESCHEN	AT 999.853.347	3	89	2,99	1,52		3,85 1,12
GUNDL	AT 999.858.847	4	81	3,57	1,43	(D)	2,78 1,46

Altmelkende Kühe (über 200. Melktag) mit Eiweißgehalt > = 3,8 und/oder FEQ < 1							
Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	Eiw. %	FEQ	04.09.07 Eiw. % FEQ
DANUBIA	AT 999.984.372	1	296	4,61	1,20		4,56 0,61

Kühe (bis 200. Melktag) mit Leistungsabfall über 20 % seit der letzten Kontrolle							
Nr.	Name	Lebensnummer	L.	Tg.	17.10.07 Milch-kg	04.09.07 Milch-kg	Abwei- chung %
LAWINE	AT 999.121.807	1	113		14,0	20,0	-30,0

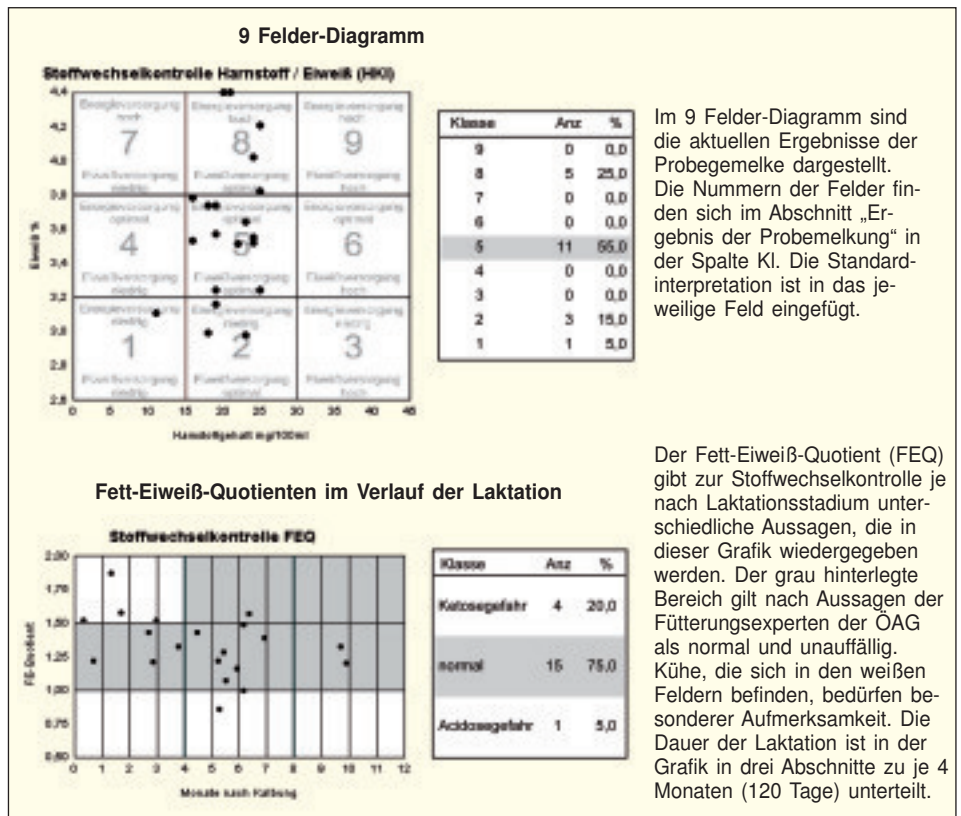
Betriebsdatenübersicht und Fruchtbarkeit										
Tier		Abkalbung			Belegung			Leistungsdaten		
Nr.	Name	Lakt.	Abk.dat.	Bel.datum	Sollkalb.	Gzw	R	M-kg	lfd. Laktation	
R	Lebensnummer	Eka/Zkz	Rast/SP	Stiername	Stiernummer			Mbk	Standardlaktation	
	DESY	6	10.04.07 (D)	08.11.07(4)	24.08.		HF	14,8 203	5.556 3,87 2,93	378
FL	AT 999.894.142	348	67/212	SERAPHIN RED DE 05	34346761					
	GITTI	1	02.06.06 (D)	16.03.07(4)	31.12.07	118	FL	T 480	7.681 3,87 3,26	548
FL	AT 999.981.972	26 Mo.	109/287	RANDALF	AT 999.196.645			2,00 305	5.921 3,92 3,13	417

Gesundheitsmonitoring ist auch die Tabelle „Diagnoseübersicht der letzten 3 Monate“ reserviert. Hier finden sich die in den einzelnen Auswertungen angegebenen Diagnosenhinweise, die bei der Analyse von Problemen im Herdenmanagement helfen.

Fruchtbarkeitskennzahlen in der Betriebsübersicht

Die bisherige Betriebsdatenzusammenfassung wurde um Fruchtbarkeits- und Leistungskennzahlen ergänzt. Die Angaben zur Abkalbung enthalten bei Erstlingskühen das Erstkalbealter (Eka) in Monaten und bei den anderen Kühen die Zwischenkalbezeit (Zkz). Allfällige Frühgeburten werden durch (F) hinter dem Abkalbedatum ausgewiesen. Schweregeburten sind am S hinter dem Abkalbedatum ersichtlich.

Nach der Belegung finden sich die Rastzeit (Rast) und die Serviceperiode (SP) in Tagen in der Betriebsübersicht. Die Rastzeit ist als Zeitspanne zwischen Abkalbung und erster Wiederbelegung klar definiert. Hingegen wird die Ser-



Im 9 Felder-Diagramm sind die aktuellen Ergebnisse der Probemelke dargestellt. Die Nummern der Felder finden sich im Abschnitt „Ergebnis der Probemelkung“ in der Spalte Kl. Die Standardinterpretation ist in das jeweilige Feld eingefügt.

Der Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ) gibt zur Stoffwechselkontrolle je nach Laktationsstadium unterschiedliche Aussagen, die in dieser Grafik wiedergegeben werden. Der grau hinterlegte Bereich gilt nach Aussagen der Fütterungsexperten der ÖAG als normal und unauffällig. Kühe, die sich in den weißen Feldern befinden, bedürfen besonderer Aufmerksamkeit. Die Dauer der Laktation ist in der Grafik in drei Abschnitte zu je 4 Monaten (120 Tage) unterteilt.

Die wichtigsten Kennzahlen zum Nachschlagen

Diagnosen:	auf Plausibilität geprüfte Erstdiagnosen von der jeweiligen Betriebsstätte
Besamungen:	alle Belegungen von der jeweiligen Betriebsstätte; bei Doppelbesamungen zählt bei Indexmerkmalen nur die erste Besamung; Nutzungsart Aufzucht, Milchkuh
Spalte Anzahl:	Anzahl der Beobachtungen, die in die Berechnung der jeweiligen Kennzahl eingehen

Kennzahl	Einheit	Berechnung
Bestand Milchkühe am 30.9.2007	Anzahl	Kuhzahl am Betrieb am Ende des Prüfjahres (=Kuhzahl am Stichtag)
Anteil ganzjährig geprüfte Kühe	%	Kühe mit 365 Futtertagen in Bezug auf die Kuhzahl am Stichtag
Anteil Kühe 1. Kalbung	%	Anteil der Kühe, die im Prüfjahr die 1. Kalbung hatten in Bezug auf die Kuhzahl am Stichtag
Anteil Kühe mit mind. 5 Kalbungen	%	Anteil der Kühe, die im Prüfjahr mindestens 5 Kalbungen hatten in Bezug auf die Kuhzahl am Stichtag
Ø Alter Kühe am 30.9.2005	Jahre	Durchschnittsalter der Kühe, die am Stichtag anwesend waren
Ø Lebensleistung	kg	Bisherige Lebensleistung aller Kühe am Stichtag
Ø Erstlingsleistung	kg	Ø Erstlingsleistung jener Kühe, die im Betrieb im Prüfjahr die erste Standardlaktation erreicht haben
Milchmenge, Fett etc.	kg	Betriebsdurchschnitt nach Futtertagen und Jahresleistung der Tiere
TIERBESTAND		
Ø Tierzahlen	Anzahl	Summe aus Futtertage der Tiergruppe dividiert durch 365(366)
FRUCHTBARKEIT		
Zwischenkalbezeit	Tage	Ø Zwischenkalbezeit aller Abkalbungen im Auswertzeitraum auf dem Betrieb
Serviceperiode	Tage	Durchschnittszeitraum zwischen Kalbung und erfolgreicher Besamung (die zur Abkalbung führte)
Besamungsindex	Anzahl	Anzahl der Gesamtbesamungen bezogen auf die Anzahl Abkalbungen
Erstbesamungsindex	Anzahl	Anzahl der Gesamtbesamungen/Anzahl Erstbesamungen
Anteil Nachbesamungen	%	Anteil der Nachbesamungen an den Gesamtbesamungen in %
Non-Return-Rate 90 Tage	%	Anteil der erstbesamten Tiere, die innerhalb von 90 Tagen nicht zur Nachbesamung aufscheinen
Rastzeit	Tage	Ø Abstand der letzten Abkalbung bis zur ersten Besamung mit Erstbesamung im Auswertzeitraum
Erwartete Zwischenkalbezeit	Tage	Ø Abstand Abkalbung und Hochrechnung der letzter Besamung mit rassespezifischer Trächtigkeitsdauer
Anteil Kühe mit Diagnose Fruchtbarkeit	%	Anteil der Kühe mit mind. 1 Erstdiagnose Fruchtbarkeit bezogen auf den jeweiligen Tierbestand
Summe Diagnosen Fruchtbarkeit	Anzahl	Summe der Erstdiagnosen Fruchtbarkeit der jeweiligen Tiergruppe
EUTERGESUNDHEIT		
Zellzahldurchschnitt	in 1.000	Gewichtete durchschnittliche Zellzahlen von Probemelkergebnissen im Auswertzeitraum
Anteil Zellzahl über 200.000	%	Anteil der Zellzahlergebnisse über 200.000
Anteil Kühe mit mind. 3 Überschreitungen	%	Anteil Kühe mit mind. 3 Zellzahlüberschreitungen über 200.000
Anteil mit mind. 2 aufeinanderfolg. Überschr.	%	Anteil Kühe mit mind. 2 aufeinanderfolgenden Zellzahlüberschreitungen über 200.000
Anteil Kühe mit Diagnose Euter	%	Anteil der Kühe mit mind. 1 Erstdiagnose Euter bezogen auf den jeweiligen Tierbestand
Summe Diagnosen Euter	Anzahl	Summe der Erstdiagnosen Euter der jeweiligen Tiergruppe
STOFFWECHSEL		
Ø Fett/Eiweißquotient 1.–100. Laktationstag	F/E	Ø Fett/Eiweißquotient aller Kontrollen von Kühen in weiteren Laktationen bis zum 100. Laktationstag
Anteil FEQ 1.–100.Tg über 1,50 od. unter 1,00	%	Anteil Kontrollen mit Ø Fett/Eiweißquotient über 1,5 oder unter 1,0 bezogen auf Kontrollen von Kühen in weiteren Laktationen bis 100. Laktationstag
Anteil Harnstoffgehalt 1.–100. Tg. über 30	%	Anteil Kontrollen mit Harnstoffgehalt über 30 mg/dl bis zum 100. Laktationstag
Anteil Harnstoffgehalt 1.–100. Tg. unter 15	%	Anteil Kontrollen mit Harnstoffgehalt unter 15 mg/dl bis zum 100. Laktationstag
Anteil Kühe mit Diagnose Stoffwechsel	%	Anteil der Kühe mit mind. 1 Erstdiagnose Stoffwechsel bezogen auf den jeweiligen Tierbestand
WEITERE		
Anteil Schweregeburten	%	Anteil der Abkalbungen mit den Kalbeverläufen „Schwergewurt“, „Kaiserschnitt“ und „Embryotomie“ von Milch- und Fleischkühen bezogen auf die Anzahl der Abkalbungen
Anteil Totgeburten/Verendung	%	Anteil der geborenen Kälber, die totgeboren wurden oder innerhalb der ersten 6 Monate verendet sind bezogen auf die Anzahl der geborenen Kälber
Abgänge gesamt	%	Anteil der aus der Betriebsstätte im Auswertzeitraum abgegangenen Kühe bezogen auf die Ø Kuhzahl

Anlage 3: Genetische Parameter für ZPLAN

Genetische Korrelationen nach BENDING (Merkmale des FRU-I und EUG-I GEMEINSAM)																														
	h2	Fkg4	Ekg4	Dumm	AUS	HKL	NTZ	ND	Pers4	FRU-I	KVLp	KVLm	TOTp	TOTm	EUG-I	DMG	NR-Ka	NR-Ku	VZ-Ka	VZ-Ku	ffrSt	Zyst	ZZ	Ma	Eu-No	Eu-Bo	vEuAh	StrSt	StDi	
Fkg4	0,380	1,00																											Fkg4	
Ekg4	0,340	0,85	1,00																											Ekg4
Dumm	0,010	0,00	0,00	1,00																										Dummy
AUS	0,490	-0,15	-0,15	0,00	1,00																									AUS
HKL	0,240	-0,05	-0,05	0,00	0,43	1,00																								HKL
NTZ	0,270	0,10	0,10	0,00	0,34	0,39	1,00																							NTZ
ND	0,120	-0,10	-0,10	0,00	-0,10	-0,10	0,00	1,00																						ND
Pers4	0,150	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,10	1,00																					Pers4
FRU-I	0,020	-0,20	-0,20	0,00	0,00	-0,10	0,00	0,10	0,20	1,00																				FRU-I
KVLp	0,060	-0,10	-0,10	0,00	-0,10	0,00	-0,10	0,00	0,00	0,00	1,00																			KVLp
KVLm	0,030	0,10	0,10	0,00	0,00	0,00	0,10	0,15	0,00	0,00	-0,35	1,00																		KVLm
TOTp	0,020	0,00	0,00	0,00	-0,10	0,00	-0,10	0,00	0,00	0,00	0,70	0,00	1,00																	TOTp
TOTm	0,020	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,15	0,00	0,00	0,00	0,60	-0,10	1,00																TOTm
EUG-I	0,120	-0,25	-0,25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,10	0,10	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00															EUG-I
DMG	0,350	0,25	0,25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,20	1,00														DMG
NR-Ka	0,014	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,48	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00													NR-Ka
NR-Ku	0,012	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,54	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,52	1,00												NR-Ku
VZ-Ka	0,012	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,44	0,36	1,00											VZ-Ka
VZ-Ku	0,022	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,55	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,40	0,46	0,43	1,00										VZ-Ku
ffrSt	0,023	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,52	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,30	0,30	0,63	0,63	1,00									ffrSt
Zyst	0,041	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,44	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,44	0,44	0,59	0,59	0,22	1,00								Zyst
ZZ	0,120	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,59	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00							ZZ
Ma	0,019	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,59	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,47	1,00						Ma
Eu-NO	0,240	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,37	0,31	1,00					Eu-NO
Eu-Bo	0,330	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,30	0,33	0,52	1,00				Eu-Bo
vEuAh	0,210	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,37	0,48	0,52	0,52	1,00			vEuAh
StrSt	0,310	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,30	0,33	0,44	0,15	0,04	1,00		StrSt
StDi	0,320	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00	StDi

Gesundheits-Zuchtwerte

Zuchtwerte Mastitis, Fruchtbarkeit und Co.

GESUNDheitsmonitoring.RIND



FLECKVIEH AUSTRIA

Die Gesundheit Ihrer Tiere ist uns wichtig!

Erste Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale sind da!

Vom Gesundheits-Monitoring zum Gesundheits-Zuchtwert

*DI Astrid Köck (BOKU), Dr. Birgit Fürst-Waltl (BOKU), Dr. Christian Fürst (ZuchtData),
Dr. Christa Egger-Danner (ZuchtData)*

Das Milchleistungsniveau ist beim Fleckvieh in den vergangenen Jahrzehnten durch verbessertes Management aber auch durch züchterischen Fortschritt deutlich angestiegen. Im Gegensatz dazu war die Nutzungsdauer der Tiere eher rückläufig. Neben unzureichender Fruchtbarkeit zählen Euterentzündungen, Klauenerkrankungen und Stoffwechselstörungen zu den häufigsten Abgangsursachen.

Hohe Kosten durch frühen Abgang

Im Jahr 2008 waren beispielsweise beim Fleckvieh fast 55 % aller Abgänge auf Gesundheitsprobleme zurückzuführen. Diese verursachen nicht nur Tierarztkosten, sondern bedeuten unter anderem auch Milchgeldverlust durch Wartezeiten und geringere Milchleistung, höheren Arbeitszeitbedarf und verlängerte Zwischenkalbezeiten. Bei einem vorzeitigen Abgang erhöhen sich überdies die Kosten für die Bestandsergänzung, wobei gleichzeitig weniger scharf selektiert werden kann. Nach Stocker (2008) kostet eine um einen Monat verlängerte Zwischenkalbezeit mindestens 125 Euro pro Kuh und Jahr, eine

durchschnittliche Zellzahl von über 250.000 mindestens 180 Euro pro Kuh und Jahr. Nicht vergessen werden darf auch das verminderte Wohlbefinden der Tiere.

Daher wird es immer wichtiger, diesen über die bisher bestehenden Fitnessmerkmale hinausreichenden Bereich auch züchterisch zu bearbeiten. Das sehen auch die meisten Züchter so: in einer Umfrage bei etwa 700 Mitgliedern des Fleckviehzuchtverbands Inn- und Hausruckviertel (FIH) im Jänner 2009 zeigte sich, dass die Züchter in den nächsten 10 Jahren am stärksten die Fruchtbarkeit und Eutergesundheit züchterisch verbessern wollen, während bei der Milchleistung nur eine geringe Steigerung angestrebt wird (Miesenberger, 2009).

GESUNDheitsmonitoring.RIND seit 2006

Weltweit werden Gesundheitsdaten mit Ausnahme der skandinavischen Länder kaum direkt erfasst. In Norwegen werden Gesundheitsdaten seit 1975, in Finnland seit 1982, in Schweden seit 1984 und in Dänemark seit 1990 aufgezeichnet und für die Zuchtwertschätzung genutzt. In Österreich wurde das Projekt

GESUNDheitsmonitoring.RIND Mitte 2006 in Zusammenarbeit von Rinderzucht, Leistungsprüfung, Veterinärmedizin, Wissenschaft, Interessensvertretung und der Unterstützung durch die Ministerien BMLFUW und BMGF gestartet. Im Rahmen dieses Projektes werden Erstdiagnosen mit Hilfe von Arzneimittelbelegen erhoben und für Herdenmanagement und Zucht genutzt. Den mittlerweile rund 12.500 teilnehmenden Betrieben mit ihren etwa 200.000 Kühen und - mit Zustimmung der Landwirte - deren Tierärzten werden für das Herdenmanagement bereits Tages- und Jahresberichte für die Tiergesundheit zur Verfügung gestellt. Nun folgt der züchterische Teil mit den ersten Zuchtwerten für Mastitis, Fruchtbarkeitsstörungen und Gebärpause (Milchfieber).

Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale

Nun läuft im Rahmen des Gesamtprojektes GESUNDheitsmonitoring.RIND seit März 2008 das Teilprojekt zur Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale bei Stieren, durchgeführt vom Institut für Nutztierwissenschaften der



Viele Züchter wollen, dass die Fruchtbarkeit und die Eutergesundheit verstärkt züchterisch bearbeitet werden.

Universität für Bodenkultur in Zusammenarbeit mit der ZuchtData. Im Rahmen dieses dreijährigen Projekts, finanziert von BMLFUW und ZAR, wird eine Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale basierend auf den Diagnosedaten für die Routine entwickelt werden. Dabei stehen derzeit die Merkmalskomplexe Fruchtbarkeit, Euter und Stoffwechsel im Vordergrund, bei entsprechender Datenlieferung könnte auch der nicht minder bedeutsame Klauenkomplex folgen. Grundvoraussetzung für jede Zuchtwertschätzung ist die Kenntnis der Erblichkeiten für alle beteiligten Merkmale. Diese wurden an einem streng geprüften Datensatz bereits geschätzt. In weiterer Folge werden genetische Beziehungen zu anderen Merkmalen im Gesamtzuchtwert ermittelt und verschiedene Indices (Euter, Fruchtbarkeit und Stoffwechsel) entwickelt. Des Weiteren werden die Auswirkungen auf Zuchtziel und Zuchtprogramme analysiert.

Die häufigsten Krankheiten

Vor der Schätzung der Erblichkeiten für verschiedene Merkmale wurde untersucht, welche Krankheiten wie häufig auftreten. Ein Überblick über die Frequenzen der einzelnen Krankheiten beim Fleckvieh

in GESUNDheitsmonitoring-Betrieben wird in Abbildung 1 gegeben. Die Berechnung der Frequenzen basiert auf dem Anteil der Kühe, die im Zeitraum von 15 Tagen vor bis 300 Tage nach der Abkalbung mindestens eine Diagnose der entsprechenden Krankheit aufweisen. Kühe, die innerhalb des Zeitraumes abgegangen sind und keine Diagnose in der jeweiligen Kategorie aufweisen, wurden in der Analyse ebenso nicht berücksichtigt wie Kühe ab der 11. Laktation. Wenn ein Tier mehrere Erstdiagnosen in einem Merkmal aufweist, wird es nur einmal gezählt. Allgemein ist zu beachten, dass die tatsächlichen Häufigkeiten möglicherweise noch etwas unterschätzt sind, da nur Daten von einem begrenzten Zeitraum zur Verfügung standen. Daher könnten sich mit zunehmender Beteiligung und genauerer Datenerfassung die Häufigkeiten der einzelnen Krankheiten noch etwas verändern. Bei den chronischen

Euterentzündungen konnte jedoch am Beginn der Datenerfassung das prophylaktische Trockenstellen nicht eindeutig von der chronischen Eutererkrankung getrennt werden, weshalb die Frequenz der chronischen Euterentzündungen derzeit noch überschätzt sein dürfte. Für die Zuchtwertschätzung wird jedoch der Zeitraum, in den das Trockenstellen fällt, nicht berücksichtigt!

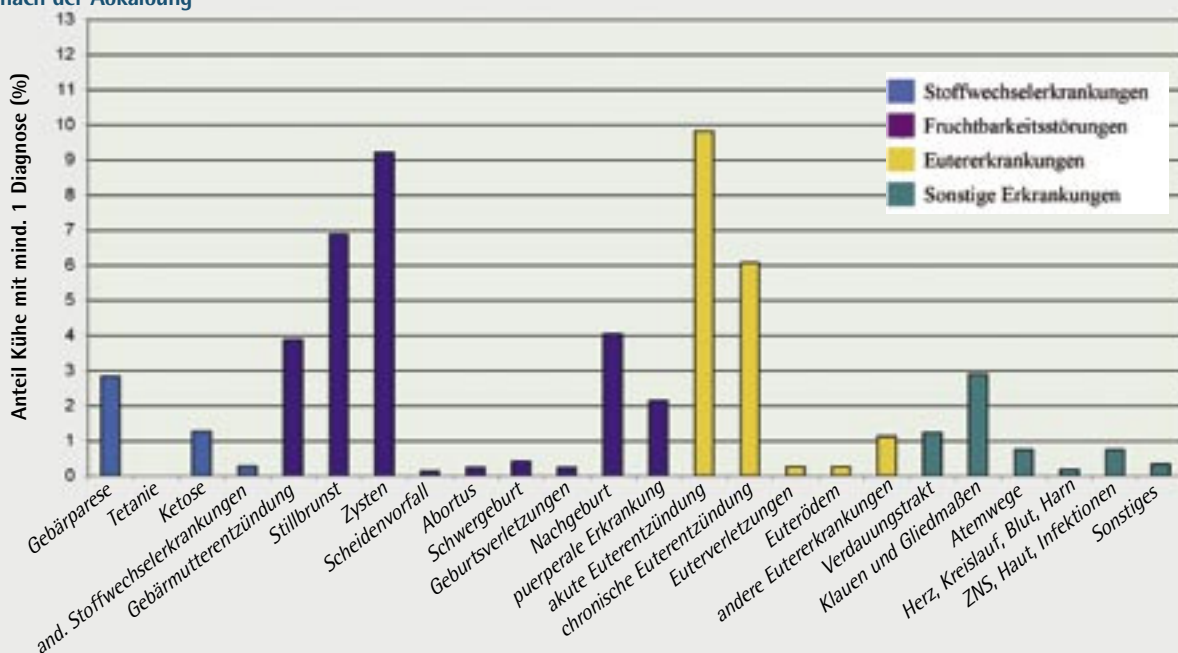
An der Spitze der Erkrankungen liegt die akute Mastitis. Etwa bei jeder 10. der beobachteten Kühe in GESUNDheitsmonitoring-Betrieben wurde zumindest einmal pro Laktation eine akute Mastitis diagnostiziert. Offensichtlich ist auch die Bedeutung des Fruchtbarkeitskomplexes, wo vor allem Zysten, Stillbrunst und Gebärmutterentzündung eine große Rolle spielen. Jede 5. Kuh wurde wegen einer Fruchtbarkeitsstörung behandelt. Im Bereich der Stoffwechselerkrankungen liegt die Gebärpärese (Milchfieber) voran. Der

Gesamtdurchschnitt wirkt mit annähernd 3 % relativ niedrig, da der Anteil von Kühen mit Milchfieber erst in höheren Laktationen deutlich ansteigt. Während die Frequenz im Zeitraum 10 Tage vor bis 10 Tage nach der Abkalbung in den ersten beiden Laktationen nahe 0 liegt, steigt diese im Schnitt der 7. und höheren Laktationen auf etwa 7 % an (Abb. 2).

Abb. 2: Anteil Fleckviehkühe mit max. 25 % RF-Genanteil (%) mit mind. 1 Diagnose bei Milchfieber im Zeitraum 10 Tage vor bis 10 Tage nach der Geburt.



Abb. 1: Anteil an Fleckviehkühen (%) mit max. 25% RF-Genanteil und mind. 1 Diagnose im Zeitraum 15 Tage vor bis 300 Tage nach der Abkalbung



Definition der Gesundheitsmerkmale

Gesund oder krank?

Für die Schätzung der Erbligkeiten und die Zuchtwertschätzung wird immer nur ein bestimmter Teilabschnitt der Laktation herangezogen, der vor oder mit dem Zeitpunkt der Abkalbung beginnt. Dabei wird überprüft, ob die Kuh im jeweiligen Zeitraum gesund war oder vom Tierarzt behandelt wurde. Wiederholte tierärztliche Behandlungen werden nicht berücksichtigt. Da der Großteil der Krankheiten um den geburtsnahen Zeitraum auftritt, wird vor allem dieser Bereich züchterisch bearbeitet. Euterentzündungen und Milchfieber können in geringen Fällen schon vor der Abkalbung auftreten, weshalb bei diesen Merkmalen der Zeitraum vor der Geburt ebenfalls berücksichtigt wird.

Mastitis

Die Merkmalsdefinition für das Merkmal Mastitis ist in Abbildung 3 kurz dargestellt. Beim Merkmal Mastitis werden Behandlungen aufgrund von akuten und chronischen Euterentzündungen im Zeitraum 10 Tage vor bis 50 Tage nach der Abkalbung berücksichtigt. Kühe, die in diesem Zeitraum aufgrund von Eutererkrankungen abgehen, aber keine Diagnose aufweisen,

werden ebenfalls als krank eingestuft. Kühe, die aufgrund anderer Ursachen abgehen (Leistung, Stoffwechsel, Verkauf zur Zucht, etc.) werden in der Zuchtwertschätzung, so wie in Schweden und Finnland, als gesund berücksichtigt.

Fruchtbarkeitsstörungen

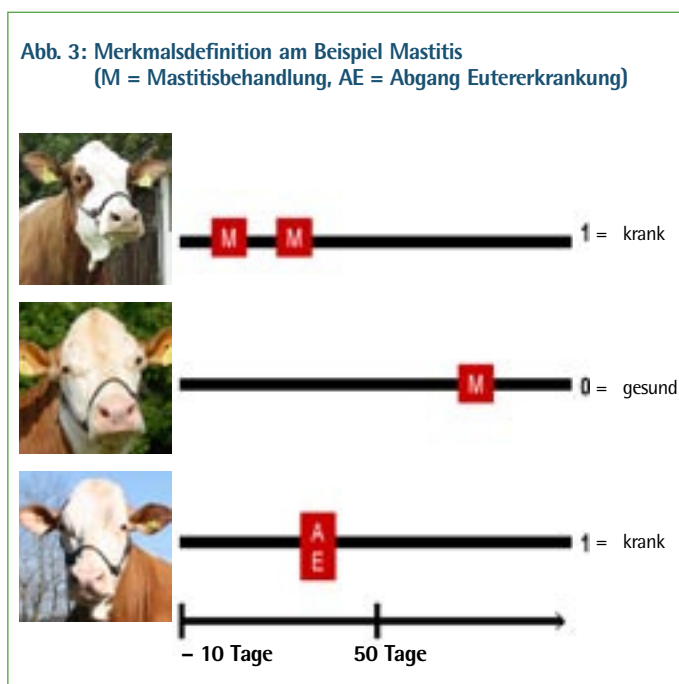
Der Merkmalskomplex Fruchtbarkeitsstörungen umfasst Behandlungen im Bereich Nachgeburtsverhalten, puerperale Erkrankungen (Erkrankungen der Geschlechtsorganenach der Abkalbung), Gebärmutterentzündung und Zysten innerhalb der ersten 150 Tage nach der Abkalbung. Das Merkmal Stillbrunst geht in die Zuchtwertschätzung nicht ein, da aufgrund des großen Managementeinflusses nur eine sehr geringe Erbligkeit geschätzt werden konnte. Kühe, die innerhalb von 150 Tagen nach der Abkalbung aufgrund von Fruchtbarkeitsproblemen abgehen, aber keine Diagnose aufweisen, bekommen ebenfalls eine Diagnose zugeordnet. Kühe, die aufgrund anderer Ursachen abgehen (Leistung, Stoffwechsel, Verkauf zur Zucht, etc.) werden als gesund berücksichtigt.

Gebärparesse

Im Bereich Stoffwechsel wurde von den Zuchtverantwortlichen beschlossen, derzeit nur Zuchtwerte für das Einzelmerkmal Milchfieber zu veröffentlichen, wobei der Zeitraum 10 Tage vor bis 10 Tage nach der Geburt analysiert wird. Kühen, die innerhalb dieses Zeitraumes aufgrund von Stoffwechselerkrankungen abgehen, wird ebenfalls eine Diagnose zugeordnet.

Deutliche Unterschiede

Fitnessmerkmale weisen allgemein niedrige Erbligkeiten auf und können daher nur langsam züchterisch verbessert werden. Für die Rasse Fleckvieh konnten mit einem sogenannten Schwellenwertmodell Erbligkeitwerte im Bereich von 6 bis 15 % geschätzt werden (Tabelle 1). Diese Ergebnisse liegen im Bereich anderer Untersuchungen aus Skandinavien. Bei der Rasse Norwegische Rote wurden beispielsweise Erbligkeiten von 5 bis 8 % für Mastitis, 9 bis 13 % für Milchfieber, 14 bis 16 % für Ketose und 8 % für Nachgeburtsverhalten ermittelt. Diese Ergebnisse zeigen, dass Zucht auf Gesundheitsmerkmale Erfolg versprechend ist. Die Erbligkeitwerte von Mastitis, Fruchtbarkeitsstörungen und Milchfieber liegen teilweise höher als die der bisher in der Zuchtwertschätzung in Österreich und Deutschland berücksichtigten Fitnessmerkmale.



Tab. 1: Erste Erbligkeitwerte bei Fleckvieh in Österreich

Merkmal	Erbligkeit
Mastitis (10 Tage vor bis 50 Tage nach der Abkalbung)	7 %
Fruchtbarkeitsstörungen (bis 150 Tage)	6 %
Milchfieber (-10 bis 10 Tage)	15 %



Foto: Kalcher



Tierarzt und Bauer arbeiten gemeinsam für einen leistungsstarken, gesunden Tierbestand.

Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale Top und Flop

Auf Beschluss der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter werden mit der April-Zuchtwertschätzung erstmals Gesundheitszuchtwerte veröffentlicht. Bedingung dafür ist eine Mindestsicherheit von 60 %. Diese Zuchtwerte werden in der Folge auch bei jeder Routine-Zuchtwertschätzung aktualisiert, das nächste Mal also im August 2009. Generell werden nur Zuchtwerte für Stiere veröffentlicht, nicht jedoch für Kühe, sodass sich keinerlei negative Auswirkungen in der Zuchtwertschätzung für eine Kuh mit einer Diagnose ergeben. Mit den neuen Gesundheitszuchtwerten hat jeder Landwirt die Möglichkeit verstärkt Stiere auszuwäh-

len, die weniger Gesundheitsprobleme vererben. Eine Gesamtübersicht über die neuen Gesundheitszuchtwerte in alphabetischer Reihenfolge gibt die beiliegende Zuchtwerttabelle (ab S. 9).

Der Beste bei Mastitis: ZARADI

Die besten Stiere hinsichtlich Mastitis sind ZARADI, WAX, RESS, HERON und WAL mit Zuchtwerten von 114 bis 122 (Tabelle 2, S. 6). Bei diesen Stieren wurde im Schnitt nur bei jeder 31. Tochter Mastitis im Zeitraum 10 Tage vor bis 50 Tage nach der Abkalbung diagnostiziert, im Gesamtschnitt bei jeder 18. Kuh (das entspricht 5,51 %). Die Zuchtwertkorrelation zwischen Mastitis und

Zellzahl liegt bei 0,30, was bestätigt, dass die Zellzahl nur ein Hilfsmerkmal für die Eutergesundheit darstellt. Insbesondere die akute Mastitis ist nicht notwendigerweise in einer erhöhten Zellzahl erkennbar, wenn rasch behandelt wird. Durch die zusätzliche Information von Mastitisiagnosen kann der Bereich Eutergesundheit in der Zucht konsequenter als bisher bearbeitet werden. Die negative Zuchtwertkorrelation zum Milchwert mit $-0,22$ entspricht den Erwartungen. Zu den schlechtesten Stieren zählen INDUVI, RANDY, FABER RED, DOLLAR und RUDI RED mit Zuchtwerten zwischen 81 und 85. Bei diesen fünf Stieren erfolgte durchschnittlich schon bei jeder 9. Tochter mindestens eine Mastitisbehandlung im Zeitraum 10 Tage vor bis 50 Tage nach der Abkalbung. Abbildung 4 verdeutlicht die großen Unterschiede zwischen den einzelnen Stieren.

Wenig Fruchtbarkeitsstörungen bei MANDL-Töchtern

Im Bereich Fruchtbarkeitsstörungen heißen die fünf besten Stiere MANDL, DINO, DUNST, ROMAF und ROMEL (Tab. 3, S. 6). Bei diesen Stieren wird im Durchschnitt jede 12. Tochter aufgrund von Nachgeburtshaltung, puerperaler Erkrankungen, Gebärmutterentzündung oder Zysten behandelt, während bei den schlechtesten Stieren ZANDA, ZARADI, RUMSI, RALLEY und WALD bereits jede 4. bis 5. Tochter mindestens eine Fruchtbarkeitsdiagnose aufweist (Abbildung 5), das entspricht 22 %. Der Gesamtdurchschnitt beträgt 13 %. Die Zuchtwerte für Fruchtbarkeitsstörungen haben eine positive Beziehung zum mater-

Abb. 4: Unterschiede im Anteil Töchter (%) zwischen den fünf besten und schlechtesten Stieren für Mastitis

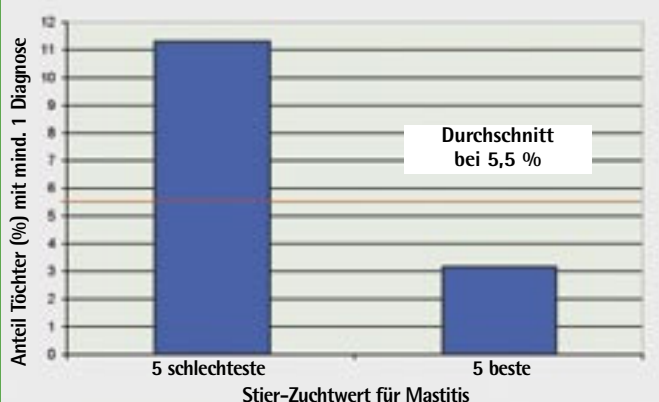
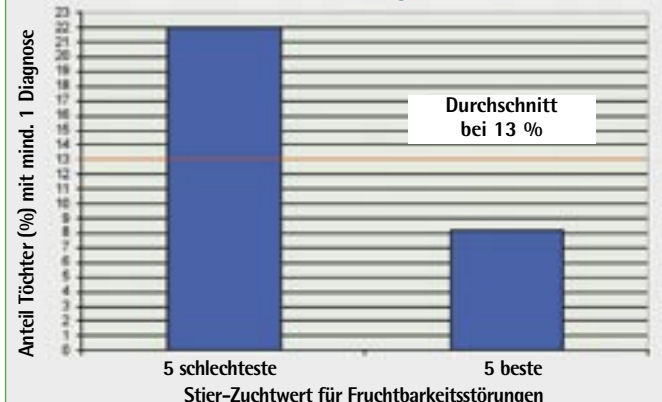


Abb. 5: Unterschiede zwischen den fünf besten und schlechtesten Stieren für Fruchtbarkeitsstörungen



Tab. 2: Top und Flop Liste nach Zuchtwert für Mastitis (n = Anzahl Töchter, F = Frequenz der Erkrankung)

Rg	Name	Vater	MV	Jahr	Mastitis	n	F(%)	
1	ZARADI	ZAX	RADI	1994	122	95	1073	3,1
2	WAX	HORWEIN	PAMAX	1993	117	92	612	4,2
3	RESS	RENGER	STREITL	1996	115	97	2099	3,3
4	HERON	HORWEIN	HARKO	1993	115	70	127	3,1
5	WAL	WAXIN	MALF	1999	114	83	279	2,2
6	STRIGL	STREITL	PRAEFEKT	1992	113	65	105	2,9
7	RUMSI	RADI	STREIF	1990	112	84	286	4,5
8	STRALF	STREIF	HALF	1991	112	82	256	5,5
9	WEINOLD	WEINOX	RENOLD	1999	111	92	644	2,8
10	STRAMY	STREITL	SAMY	1992	111	82	257	5,4
136	WALD	WEINOX	ROMEN	1999	87	86	331	7,3
137	SIEGI	SAMURAI	MORELLO	1998	87	74	157	8,3
138	HORST	HODSCHA	HAST	1992	87	72	144	12,5
139	REHARD	REPORT	HARDIN	1997	86	97	1598	6,4
140	JORDAN RED	PHIDEAUX RC	MOMENTUM RED	1997	85	76	176	8,5
141	RUDI RED	RUSTY RED	ANKER	1990	85	67	115	13,9
142	DOLLAR	DISKUS	POSCO	1992	84	87	361	11,4
143	FABER RED	FACTOR RC	NICK *TD	1996	84	83	276	8,7
144	RANDY	RALBO	MODIST	1994	81	92	637	9,9
145	INDUVI	BOIS LE VIN	RHUM	1993	81	72	146	13,0

Tab. 3: Top und Flop Liste nach Zuchtwert für Fruchtbarkeitsstörungen (n = Anzahl Töchter, F = Frequenz der Erkrankung)

Rg	Name	Vater	MV	Jahr	Fru.stör.	n	F(%)	
1	MANDL	MALF	STREITL	1997	120	91	638	8,2
2	DINO	DISKUS	HASIL	1993	118	68	139	6,5
3	DUNST	DISKUS	SAMUEL	1994	117	85	375	8,8
4	ROMAF	ROMEN	TAFTL	1995	116	93	861	9,5
5	ROMEL (A)	ROMEN	EGEL (A)	1995	114	85	375	8,0
6	HAGAN	HALLING	SAMUEL	1995	113	91	662	10,1
7	POLDI	POSTNER	STREITL	1996	112	94	1011	9,7
8	STAMM	STRESS	PARIS	1992	112	69	145	7,6
9	HORST	HODSCHA	HAST	1992	112	65	120	10,0
10	ORIGIN RED	OREGON RED	TRISTAN	1995	111	74	186	8,1
100	BONSAI	BONSAR	HEXER	1994	92	88	473	17,1
101	RETORT	REPORT	PROPELLER	1997	92	75	190	15,3
102	STEGO	STEG	EGMONT	1992	91	82	283	19,1
103	WARAN	WEINOX	MALF	1999	90	80	261	14,9
104	REHARD	REPORT	HARDIN	1997	88	95	1304	15,6
105	WALD	WEINOX	ROMEN	1999	86	78	227	17,2
106	RALLEY	RALBO	STREITL	1997	86	61	99	22,2
107	RUMSI	RADI	STREIF	1990	85	79	235	23,0
108	ZARADI	ZAX	RADI	1994	81	93	896	20,9
109	ZANDA	ZAX	ROMULUS	1994	79	64	112	26,8

nalen Fruchtbarkeitswert, zum Kalbeverlauf maternal und zum Fitnesswert.

Besonderheit bei Milchfieber

Beim Merkmal Gebärpause (Milchfieber) ist bei der Interpretation der Zuchtwerte

eine Besonderheit zu beachten. Milchfieber tritt vor allem bei älteren Kühen ab der dritten Laktation auf. In den ersten beiden Laktationen wird bei weniger als 1% der Kühe Milchfieber diagnostiziert, während bis zur fünften und höheren Laktationen

die Frequenz auf durchschnittlich 7 % ansteigt (Abb. 2, S. 3). Dadurch ist es möglich, dass Stiere, bei denen die Frequenz über alle Laktationen sehr niedrig ist, einen schlechten Zuchtwert aufweisen, wenn sie überwiegend junge Töchter haben. Ein

Tab. 4: Top und Flop Liste nach Zuchtwert für Milchfieber (n = Anzahl Töchter, F = Frequenz der Erkrankung in %, 1 steht für 1. und 2. Laktation, 2 für 3. und höhere Laktationen)

Rg	Name	Vater	MV	Jahr	Mi.fieb.	n	F	n1	F1	n2	F2	
1	RENE	ROMEN	MORN	1996	118	95	528	0,4	238	0,0	290	0,7
2	HAXZEUS	HAXON	ZEUS	1992	117	97	799	1,1	376	0,0	423	2,1
3	START	STRESS	HARTER	1992	116	92	312	2,9	11	0,0	301	3,0
4	HORST	HODSCHA	HAST	1992	114	85	149	2,0			149	2,0
5	ROMAF	ROMEN	TAFTL	1995	113	98	1140	1,8	347	0,0	793	2,5
6	STEGO	STEG	EGMONT	1992	113	93	360	3,3	8	0,0	352	3,4
7	STAMM	STRESS	PARIS	1992	113	86	161	1,9	14	0,0	147	2,0
8	ROMOR	ROMEN	HORWEIN	1995	113	86	157	1,9	4	0,0	153	2,0
9	RALMEN	ROMEN	MORELLO	1996	113	81	111	0,0	22	0,0	89	0,0
10	HATZ	HODACH	ZAX	1996	112	97	963	1,0	383	0,0	580	1,7
123	WALD	WEINOX	ROMEN	1999	89	94	384	1,3	380	1,3	4	0,0
124	MALF	MORELLO	HALF	1988	89	85	141	9,2	1	0,0	140	9,3
125	STORN	STEFFEN	MORN	1998	89	82	117	4,3	93	1,1	24	16,7
126	MOREIF	MORELLO	STREIF	1989	88	95	470	10,2	5	0,0	465	10,3
127	HOF	HAU RED	HUMOR	1995	88	84	136	4,4	68	0,0	68	8,8
128	MALHAX	MALF	HAXALA	1994	87	98	1455	3,9	702	0,6	753	7,0
129	ROLO	RALBO	HALL	1994	87	95	488	6,1	56	0,0	432	6,9
130	MALFEIT	MALF	STREITL	1996	87	87	164	6,1	7	0,0	157	6,4
131	JOKER-RED	JUBILANT RC	LINCOLN	1997	87	83	122	4,9	73	2,7	49	8,2
132	RENNMER	RENNER	METIST	1989	86	80	100	14,0	3	0,0	97	14,4

Beispiel dafür ist der Stier WALD (Tabelle 4) mit einem Milchfieber-Zuchtwert von 89: der Gesamtdurchschnitt an Töchtern mit Milchfieber wirkt mit 1,3 % sehr niedrig. Genauer betrachtet kann man aber erkennen, dass dieser Stier fast ausschließlich Töchter in der 1. und 2. Laktation hat. Im Schnitt dieser jungen Töchter wurden bei 1,3 % Milchfieber diagnostiziert, was deutlich über dem Mittel in der 1. und 2. Laktation von 0,47 % liegt und somit den relativ schlechten Zuchtwert erklärt. Beim schlechtesten Stier RENNMER (ZW

86) ist der Zusammenhang zur höheren Milchfieberanfälligkeit mit 14 % behandelten Töchtern im Vergleich zum Gesamtdurchschnitt von 2,62 % offensichtlicher.

Der Schnitt der 3. und höheren Laktationen beträgt 4,82 %. Zum einfacheren Verständnis werden deswegen zu den Frequenzen über alle Laktationen auch die Frequenzen bei jungen (1. und 2. Laktation) und älteren Kühen (3. und höhere Laktation) angegeben. Generell ist aufgrund der niedrigen Frequenz des

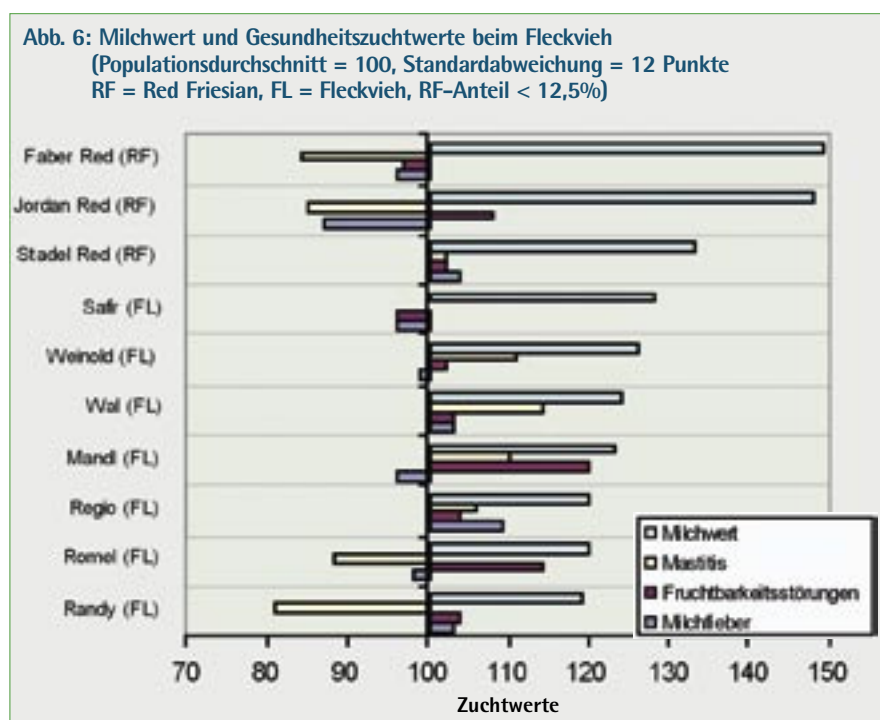
Merkmals eine große Anzahl von Töchtern pro Stier für die Aussagekraft wichtig. Daher sollten Zuchtwerte von Stieren mit wenigen Töchtern noch mit Vorsicht betrachtet werden. An der Spitze der Milchfieber Topliste liegen die Stiere RENE, HAXZEUS, START, HORST und ROMAF. Neben RENNMER liegen am Ende der Topliste die Stiere JOKER-RED, MALFEIT, ROLO und MALHAX mit einem Zuchtwert von 87. Mit Ausnahme von MALHAX weisen diese Stiere unterdurchschnittliche Fitnesszuchtwerte auf.

Gesund und leistungsstark – ein Widerspruch?

In vielen wissenschaftlichen Untersuchungen wurde ein züchterisch negativer genetischer Zusammenhang zwischen der Milchleistung und Gesundheitsmerkmalen (Mastitis, Ketose, Lahmheiten) nachgewiesen. Diese Beziehung wird auch in den Zuchtwerten deutlich. Abbildung 6 gibt einen Überblick über zehn ausgewählte Stiere der Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale, gereiht nach den Relativzuchtwerten für Milch vom Jänner 2009. Weiters ist deren Vererbungsleistung bezüglich Mastitisresistenz, Fruchtbarkeitsstörungen und Milchfieber angegeben. Daraus ist erkennbar, dass einige Stiere, die in der Milchleistung deutlich überlegen sind, unterdurchschnittliche Erbanlagen im Bereich der Gesundheitsmerkmale besitzen, es aber auch Stiere gibt, die sowohl bezüglich Milchleistung als auch bei Gesundheitsmerkmalen positiv vererben.

Änderungen sind möglich!

Bei der Interpretation der Daten ist zu beachten, dass diese Gesundheitszuchtwerte erste Zuchtwerte aus einem laufenden Doktoratsprojekt sind. Im Rahmen des Projektes wird an weiteren Verbesserungen bei der Datenvalidierung, dem Modell und den Zuchtwertschätzmethoden gearbeitet. Die Doktorandin DI Astrid Köck wird im Sommer 2009 einige Zeit in Norwegen verbringen, um dort von deren Erfahrungen zu lernen und an weiteren Methodenverbesserungen zu arbeiten. Änderungen sind wie in jeder



Zuchtwertschätzung natürlich auch durch weitere Daten zu erwarten. Derzeit werden beispielsweise Fruchtbarkeitsstörungen von Kalbinnen noch nicht berücksichtigt, da ihre Anzahl noch zu gering war, um eine getrennte Erblichkeitsschätzung durchzuführen.

Wie geht es weiter?

Offen sind noch die endgültigen Merkmalsdefinitionen und Veröffentlichungskriterien nach Abschluss des Projektes. Angedacht ist auch ein Index, wo z.B. bei der Eutergesundheit Mastitis, Zellzahl und evt. ein Euterexterieur-Merkmal berücksichtigt werden. Auch im Fruchtbarkeitsbereich

ist zu untersuchen, wie die Fruchtbarkeitsstörungen mit den anderen Fruchtbarkeitsmerkmalen kombiniert werden können. Beim Stoffwechselbereich ist noch eine Erweiterung auf einen zusätzlichen Zuchtwert für Ketose und weitere Stoffwechselerkrankungen denkbar.

Durch die gemeinsame Zuchtwertschätzung werden für alle Rassen in Deutschland und Österreich die gleichen Zuchtwerte veröffentlicht. Sollten jedoch nicht aus beiden Ländern Leistungen für bestimmte Merkmale vorliegen, wie es derzeit bei den Gesundheitsmerkmalen der Fall ist, könnten in einen Index dann nur die Informationen aus Österreich eingehen.



REGIO: sowohl im Milch-Zuchtwert als auch in den Gesundheitszuchtwerten positiv. Im Bild seine Tochter GISA von Werner Göglburger, Pöllau am Greim, Stmk.

Um diese Fragen klären zu können, müssen vorher die genetischen Zusammenhänge zwischen den verschiedenen Merkmalen analysiert werden und auch wirtschaftliche Gewichte vorliegen.

Wie nach Abschluss des Projektes die Gesundheitszuchtwerte im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung mit

Deutschland/Österreich veröffentlicht werden, ist dann im länderübergreifenden Beratenden Ausschuss Zuchtwertschätzung zu klären.

Fazit

Es wird über verschiedene Prüfungen sichergestellt, dass nur Daten von

Betrieben mit zuverlässiger Diagnose-datendokumentation und Erfassung in die Zuchtwertschätzung eingehen. Auf Beschluss der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter erfolgt eine Veröffentlichung der Gesundheitszuchtwerte eines Stieres, wenn eine Mindestsicherheit von 60 % erreicht ist. In der Folge werden diese bei jeder Routine-Zuchtwertschätzung aktualisiert.

Die veröffentlichten Zuchtwerte stammen derzeit ausschließlich von bereits geprüften Stieren. Wenn in Zukunft auch für die aktuellen Stiere Gesundheitszuchtwerte für die Selektion zur Verfügung stehen sollen, ist es wichtig, zuverlässige Diagnosedaten von möglichst allen Teststier-Töchtern zu erheben. Es liegt also in der Hand der Züchter, mit ihrer aktiven Teilnahme am GESUNDHEITSMONITORING.RIND zu ermöglichen, dass allen Landwirten aussagekräftige Gesundheitszuchtwerte von Stieren für ihre Anpaarungsentscheidungen zur Verfügung stehen und absolute Negativvererber erkannt werden können.

Gesundheitszuchtwerte und weitere Informationen finden Sie unter www.zarat und www.fleckvieh.at ab 7. April.

Welche Daten gehen in die Zuchtwertschätzung ein?

*Dr. Christa Egger-Danner (ZuchtData), Mag. Berthold Grassauer (ÖTK),
Dr. Walter Obritzhauser (ÖTK), DI Astrid Köck (BOKU),
Dr. Birgit Fürst-Waltl (BOKU)*

Basis für die Zuchtwertschätzung sind vom Tierarzt codierte Erstdiagnosen auf den Arzneimittelbelegen. Die Daten werden entweder im Zuge der Leistungsprüfung vom LKV-Mitarbeiter erfasst oder vom Tierarzt direkt elektronisch in die Datenbank übermittelt. Die Diagnosedaten werden bei der Eingabe in die Datenbank einer automatischen Plausibilitätsprüfung unterzogen. Hier wird geprüft, ob der übermittelte Datensatz eine Erstdiagnose

sein kann oder ob der Datensatz von einer Nachbehandlung stammt. Verwendet werden nur Erstdiagnosen.

Aktuell kommen von ca. 7.000 Betrieben mit 139.000 Kühen Diagnosen.

In die aktuelle Zuchtwertschätzung der Gesundheitszuchtwerte gingen 2.968 Betriebe mit 76.344 Fleckviehkühen ein. Von 1.084 Betrieben wurden die Diagnosen zu mehr als 75 % elektronisch übermittelt. Der Großteil der für die ZWS verwen-

deten Kühe (ca. 50.000) kommt aus Niederösterreich und der Steiermark.

Daten müssen korrekt sein

Für die Aussagekraft von Gesundheitszuchtwerten ist entscheidend, dass die Datengrundlage vertrauenswürdig ist. Es wird geprüft, ob in einem Betrieb nur wenige Erkrankungen auftreten, oder ob ein Betrieb nur unvollständig Diagnosen meldet. Auswertungen zeigen, dass bei vollständiger Dokumentation im Durchschnitt mit ca. 0,7-0,8 Erstdiagnosen pro Kuh und Jahr zu rechnen ist. Die Diagnosecodes 56 (prophylaktisches Trockenstellen) und 00 (sonstige Diagnosen) sind dabei nicht berücksichtigt.

Für diese erste Veröffentlichung von Gesundheitszuchtwerten werden daher nur Betriebe mit hauptsächlicher Betreuung durch einen Tierarzt mit bisher mindestens 200 Erstdiagnosen in der Datenbank her-

angezogen. Dadurch werden nur fallweise codierte Diagnosen nicht berücksichtigt. Es ist uns bewusst, dass es auch Betriebe mit vollständiger Diagnosedatenlieferung gibt, aber vom Tierarzt keine Tierarzt Nummer am Arzneimittelbeleg angeführt wurde, oder vom Tierarzt nur wenige GESUNDHEITS-MONITORING Betriebe betreut werden und von diesem deshalb die 200 Erstdiagnosen bisher nicht erreicht wurden.

In weiteren Schritten wird geprüft werden, ob und wie auch solche Informationen berücksichtigt werden können.

Aktualisierung bei jeder Zuchtwertschätzung

Als Beobachtungszeitraum für die aktuelle Zuchtwertschätzung der Gesundheitszuchtwerte wurde der Zeitraum zwischen 1. 1. 2007 und 30. 11. 2008 herangezogen. Das Enddatum des Beobachtungszeitraumes (aktuell der 30. 11. 2008) wird bei jeder weiteren Zuchtwertschätzung aktualisiert. Für jeden Betrieb wird der Auswertungszeitraum innerhalb des Beobachtungszeitraums individuell festgelegt, wobei der Beginn der Projektteilnahme, das Datum der ersten

Diagnoselieferung des Betriebes sowie das Datum der ersten Diagnoselieferung durch den Tierarzt bzw. den LKV-Mitarbeiter berücksichtigt wird.

Weiters werden nur Betriebe mit kontinuierlicher Datenlieferung zur Datenauswertung herangezogen. Die kontinuierliche Diagnoseübermittlung durch den Tierarzt wird ebenfalls geprüft.

Mind. 0,1 Erstdiagnosen pro Kuh und Jahr

Um Betriebe auszuschließen, in denen Diagnosecodierungen und Diagnoseübermittlungen nur in Einzelfällen erfolgen, wird eine Mindestfrequenz gemeldeter Erstdiagnosen (ohne Diagnosecodes 56 und 00) von 0,1 pro Kuh und Jahr vorausgesetzt. In einigen wenigen Fällen kann dadurch ein Betrieb mit sehr wenigen Diagnosen bei der Zuchtwertschätzung unberücksichtigt bleiben. Es ist jedoch anzunehmen, dass ohne diese Untergrenze für die Häufigkeit je Kuh und Jahr gelieferter Diagnosedaten der Schätzfehler durch die Hereinnahme von Betrieben mit unvollständiger Diagnosedatenmeldung größer wäre. Durch eine entsprechend

große Töchteranzahl pro Stier wird dieser Schätzfehler weitgehend ausgeglichen werden.

Vollständige Gesundheitsdaten

Die Erblichkeitswerte bestätigen, dass die Diagnosedaten von den validierten Betrieben im Projekt GESUNDHEITS-MONITORING.RIND für die Zuchtwertschätzung nutzbar und wertvoll sind. Bei elektronisch übermittelten Diagnosen ist eine etwas höhere Anzahl Diagnosen vor allem im Bereich der Fruchtbarkeitsstörungen festzustellen. Es ist anzunehmen, dass vor allem dann, wenn Tierarzneimittel ohne Wartezeit eingesetzt werden, nicht in jedem Fall ein Arzneimittelbeleg ausgestellt wird. Vollständige Dokumentation ist wichtig. Bitte ersuchen Sie ihren Tierarzt um vollständige Codierung und Dokumentation der Erstdiagnosen. Zusätzliche gesundheitsrelevante Beobachtungen (Klauen,...) werden in wenigen Wochen durch den Landwirt selbst direkt über den RDV4M (Internet für Landwirte) erfasst werden können.

Es liegt in der Verantwortung des Landwirts, dass die Daten zuverlässig und vollständig sind.

Tab. 5: Stiere mit Gesundheitszuchtwerten in alphabetischer Reihenfolge aufgelistet

Nummer	Name	Vater/MV	Rasse/ % RF	Jahr	Station	Gesundheitszuchtwerte																Zuchtwerte							
						Mastitis	Fru.stör.	Mi.fieb.	n	F	n	F	n	F	n1	F1	n2	F2	GZW	MW	FW	FIT	ND	Per	Fm	ZZ			
AT 307.347.233	BONSAI	BONSAR/HEXER	FL	94	A1,17	105	91	92	88	93	96	571	5,3	473	17,1	602	5,6	86	1,2	516	6,4	99	100	101	99	96	104	102	103
US 2.252.648	CADON RED	CADILLAC/JUBILANT	RF	94		89	89	100	85	95	95	457	6,8	355	13,0	494	2,0	311	0,3	183	4,9	122	130	56	113	126	108	95	89
AT 435.276.733	DIETER	DIDI/HORWEIN	FL	97	A1	101	64			103	81	99	3,0			106	0,0	99	0,0	7	0,0	107	100	115	104	102	99	98	105
AT 287.336.961	DINO	DISKUS/HASIL	FL	93		100	73	118	68	101	86	152	5,3	139	6,5	160	4,4	5	0,0	155	4,5	92	87	104	107	98	110	111	102
AT 447.242.233	DIONIS	DIDI/MORAS	FL	97	A1	100	97	93	95	110	99	1560	4,6	1173	14,0	1716	0,3	1576	0,2	140	2,1	130	116	111	122	120	103	105	108
AT 579.499.611	DITUS	DIDI/HAXL	FL	98	A1	93	68	103	60	105	83	119	6,7	97	11,3	127	0,0	120	0,0	7	0,0	115	110	78	124	114	106	100	112
DE 06 64003375	DOLLAR	DISKUS/POSCO	FL	92	17,5,A1	84	87	101	83	92	94	361	11,4	310	15,5	382	8,1	1	0,0	381	8,1	95	105	68	99	92	107	114	88
AT 236.901.233	DONES	DISKO/HANNES	FL	90	A1	89	78	93	73	97	89	200	11,5	177	19,2	212	8,0			212	8,0	95	92	101	105	99	98	104	102
AT 187.797.326	DUNST	DISKUS/SAMUEL	FL	94	A4, 8	95	89	117	85	106	95	435	6,0	375	8,8	457	2,0	151	0,0	306	2,9	94	94	89	106	110	106	105	95
DE 06 60970481	EGO	EGOL (A)/HORB	FL	98	A4	93	92	109	90	96	97	673	5,6	565	9,0	732	1,0	701	0,7	31	6,5	112	118	98	93	102	87	92	84
DE 09 31194198	EIS	EGOL (A)/STREITL	FL	97	Eu,17	104	81	100	76	105	91	234	2,6	199	13,1	258	0,4	216	0,0	42	2,4	117	110	113	106	102	92	96	105
DE 09 31852499	EMIR (A)	EGOL (A)/HORB	FL	98	A3	103	77	104	70	105	89	189	2,6	150	10,7	202	0,0	185	0,0	17	0,0	122	114	115	108	108	82	95	105
DE 09 19979088	ENGADIN TA	EGOL (A)/MUSTER	FL	97	8, 6,AV	98	73	111	60	104	87	152	3,9	97	6,2	165	0,0	160	0,0	5	0,0	130	113	112	126	125	106	106	107
AT 300.725.526	EREMIT	ERGOT/BOIS LE VIN	MO	97	A4	98	69	105	62	105	84	125	6,4	106	10,4	131	0,8	90	0,0	41	2,4	102	106	90	101	94	103	101	105
AT 285.801.264	ERLKOENIG	EGOL (A)/MAIKOENIG	FL	97	A4,8,16	92	76	105	70	95	88	180	6,7	151	10,6	192	2,1	163	2,5	29	0,0	101	104	101	95	93	92	100	92
DE 03 40174036	FABER RED	FACTOR RC/NICK TD	RF	96		84	83	97	77	96	92	276	8,7	215	13,5	305	1,6	204	1,5	101	2,0	143	149	78	106	122	81	90	92
AT 779.505.711	FERRARI	FLIPPER/LOTUS	FL/6	98	A4	100	79	111	69	94	90	206	3,9	140	7,9	239	0,8	225	0,0	14	14,3	105	97	105	111	110	94	102	116
FR 7191071104	GARDIAN	TIBET/NEW LOOK	MO/13	91		103	70	94	62	102	85	129	4,7	105	19,0	139	3,6	29	0,0	110	4,5	119	126	87	97	107	82	95	98
AT 211.829.226	HAGAN	HALLING/SAMUEL	FL	95	A4	91	94	113	91	98	97	807	6,3	662	10,1	862	1,6	546	1,1	316	2,5	112	114	102	99	93	98	95	102
DE 08 07425949	HARDI	HASSAN/RADI	FL/6	92	17,5,A1	107	81	102	75	109	91	234	6,0	194	15,5	255	4,3			255	4,3	113	106	96	117	114	119	101	115
AT 333.031.962	HATZ	HALLING/STRESS	FL	95	A4	101	71	111	64	105	85	135	3,7	114	8,8	144	0,7	60	1,7	84	0,0	104	103	109	98	101	98	114	89
DE 09 15508121	HATZ	HODACH/ZAX	FL	96	17,5,A1	95	94	98	92	112	97	895	5,8	724	13,8	963	1,0	383	0,0	580	1,7	112	109	95	109	101	94	98	110
DE 09 13137537	HAXZEUS	HAXON/ZEUS	FL	92	8,A4	107	93	110	90	117	97	721	4,4	578	9,9	799	1,1	376	0,0	423	2,1	114	106	115	106	102	102	82	118

